T.C.
KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI

TÜRK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE KURAKLIK STRESİ ALTINDA MİKRORNA'LARIN YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİLERİ İLE DİZİLENMESİ VE İFADE ANALİZLERİNİN BELİRLENMESİ

FERHAT ULU

DOKTORA TEZİ

PROF. DR. MEHMET CENGİZ BALOĞLU

HAZİRAN - 2022
KASTAMONU

TAAHHÜTNAME

Bu tezin tasarımı, hazırlanması, yürütülmesi, araştırmalarının yapılması ve bulgularının analizlerinde bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu; ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını, bilimsel etiğe uygun olarak kaynak gösterildiğini bildirir ve taahhüt ederim.

Ferhat ULU

ÖZET

DOKTORA TEZİ

TÜRK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE KURAKLIK STRESİ ALTINDA MİKRORNA'LARIN YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİLERİ İLE DİZİLENMESİ VE İFADE ANALİZLERİNİN BELİRLENMESİ

FERHAT ULU

KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI

DANIŞMAN:PROF. DR. MEHMET CENGİZ BALOĞLU

Buğday, 2020 yılında yaklaşık 219 milyon ha ekilebilir alan ve 761 milyon ton hasat ile en önemli tahıllardan biri olup, ekim açısından ilk sırada ve üretim açısından mısırdan sonra ikinci sırada yer almaktadır.

Tuzluluk, yüksek sıcaklık ve kuraklık gibi abiyotik stresler, iklim değişikliklerine bağlı olarak buğday üretimine karşı önemli bir sorun oluşturmaktadır. Kuraklık, bitki büyümesini, gelişmesini ve hayatta kalmasını sınırlayan en yaygın abiyotik streslerden biridir. Bu nedenle, kök uzaması ve ozmotik stres düzenlemesi gibi çeşitli stratejiler, kendilerini kuraklığın sert etkilerinden korumak için bitkiler tarafından evrimsel süreç boyunca geliştirilmiştir. Kuraklık yanıtı; çoklu genler, proteinler, transkripsiyon faktörleri, metabolitler, hormonlar ve miRNA'ları içeren karmaşık bir mekanizmadır.

MikroRNA'lar (miRNA'lar), bitkilerde ve hayvanlarda hedef gen ekspresyonunu düzenleyen, 20-24 nt uzunluğunda, endojen, çoğunlukla korunmuş, kodlama yapmayan küçük düzenleyici RNA'lardır. miRNA'lar hormon regülasyonu, büyüme, beslenme dengesi ve stres tepkileri gibi birçok biyolojik süreçte önemli rol oynamaktadırlar.

Bu çalışmada, farklı kuraklık toleransı ve farklı ploidi seviyelerine sahip üç Türk buğday çeşidinde –*Triticum aestivum* cv. Yüreğir-89, hekzaploid çeşit (2n=6x=42, AABBDD), orta toleranslı; *Triticum turgidum durum* cv. Kızıltan-91, tetraploid çeşit (2n=4x=28, AABB), yüksek toleranslı; ve *Triticum monococcum* cv. monococcum (Einkorn/Siyez), diploid çeşit (2n=2x=14, A^mA^m), düşük toleranslı– kuraklık stresi sonucu oluşan daha önceden tanımlanmış ve tanımlanmamış miRNA'ların ve bunların hedef genlerinin ortaya çıkarılması amaçlanmıştır. Ayrıca, miRNA'ların ve hedef genlerinin ifade profilleri, hem yeni nesil dizileme hem de qRT-PZR kullanılarak ortaya çıkarılmıştır. Hedef genlerin Gen Ontolojisi (GO), MapMan yolak analizleri yapılarak hangi metabolik yollarda rol oynadıklarının belirlenmesi amaçlanmıştır.

Çalışmanın ilk aşamasında elde edilen dizileme sonuçları ve biyoinformatik araçlar ile gerçekleştirilen analizler sonucunda kuraklık cevabında rolü olduğu düşünülen miRNA'lar ve bunların hedef genleri, qRT-PZR ile kontrol edilmiştir. Belirlenen miRNA'lrda biri tae-miR159a'dır. Bu miRNA'nın miRseq sonuçlarına göre her 3 buğday türünün yaprak dokusunda ifadesinin azaldığı görülmüş ve bu durumu qRT-PZR sonuçları da doğrulamıştır. Buna karşın, beklenildiği gibi tae-miR159a'nın belirlenen 3 hedef genin Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'de ifadelerinin arttığı Siyez'de ise azaldığı tespit edilmiştir. Diğer yandan kök dokularında ise hem tae-miR159a ve hedef genler Yüreğir-89'da yaprak dokularına benzer bir ifade profili gösterirken Siyez ve Kızıltan-91'de miRNA'nın ifadesi artmış ve hedef genler ise azalmıştır. Sonuç olarak, farklı kromozom setlerine sahip buğday türleri arasında hangi miRNA'ların işlev gördüğü ve kuraklık stresi sonucu ifade edildiği gösterilmiştir. Bunun yanında, çalışılan ve kuraklık stresine farklı tepki verdiği bilinen buğday çeşitlerinin ploidi düzeyleri farklı olduğundan, kuraklığa duyarlı ve dayanıklı bireylerde tanımlanmış ve henüz tanımlanmayan yeni miRNA'ların durumu ve bu miRNA'ların köken aldığı buğday türleri de ilk kez bu çalışmada incelenmiştir. Ayrıca hem biyoinformatik yöntemler hem de degradom kütüphaneleri yardımıyla kuraklığa farklı tepki veren buğday türlerinde tanımlanan miRNA'ların hedef genleri tespit edilmiş ve bu hedef genlerin gen ekspresyon analizleri qRT-PZR ile doğrulanmış ve ardından GO ve MapMan yolak analizleri ile kontrol edilmiştir.

Bugüne kadar buğdayın farklı dokularında abiyotik stres ile ilişkili birçok miRNA tanımlanmış olmasına rağmen, farklı ploidi seviyelerine sahip buğday çeşitlerinde kuraklık stresine cevap veren miRNA'ların tespiti ve analizi ile ilgili literatürde bilgi eksikliği bulunmaktadır. Bu nedenle bu çalışma, farklı kromozom setlerine ve farklı kuraklık toleransı özelliklerine sahip Türk buğday çeşitlerinde kuraklık stresi ile ilgili moleküler mekanizmaların aydınlatılmasına ilişkin bilgileri ortaya çıkarmıştır.

ANAHTAR KELİMELER: Buğday, Ploidi, Kuraklık Stresi, miRNA, Hedef Genler, Biyoinformatik, Kantitatif Real-Time PCR

Haziran 2022, 378 Sayfa

ABSTRACT

PH.D THESIS

SEQUENCING OF MICRORNA VIA NEXT GENERATION SEQUENCING TECHNOLOGY IN TURKISH WHEAT CULTIVARS UNDER DROUGHT STRESS AND DETERMINATION OF THEIR EXPRESSION ANALYSIS

FERHAT ULU

KASTAMONU UNIVERSITY INSTITUTE OF SCIENCE
DEPARTMENT OF GENETICS AND BIOENGINEERIN

SUPERVISOR:PROF. DR. MEHMET CENGİZ BALOĞLU

Wheat is one of the most important cereal planted around 219 millions ha farmable area in 2020 with 761 millions ton, and in the second place after maize in terms of production and in the first place for cultivating area.

Abiotic stress such as salinity, high temperature, and drought is a major handicap against wheat production depending on climatic changes. Drought is one of the most common abiotics stresses that limit plant growth, development and survival. For this reason, divers strategies, such as root elongation and osmotic stress regulation, have been enhanced throughout evolution by plants to protect themselves from harsh effects of drought. Drought response is a complex mechanism including multiple genes, proteins, transcription factors, metabolites, hormones, and miRNAs.

MicroRNAs (miRNAs) are endogenous, mostly conserved, small noncoding regulatory RNAs with 20–24 nt in length that regulate target gene expression in plants and animals. miRNAs are playing important role in many biological processes, such as hormone regulation, growth, nutritional balance, and stress responses.

In this study, it was aimed to reveal previously defined and unidentified miRNAs and their target genes, which are formed as a result of drought stress in three Turkish wheat varieties with different drought tolerance and different ploidy levels –*Triticum aestivum* cv. Yuregir-89, a hexaploid cultivar (2n=6x=42, AABBDD), intermediate-tolerant; *Triticum turgidum* durum cv. Kiziltan-91, a tetraploid cultivar (2n=4x=28, AABB), high-tolerant; and *Triticum monococcum* cv. *monococcum* (Einkorn/Siyez), a diploid cultivar (2n=2x=14, AmAm), low tolerant–In addition, differential expression profiles of miRNAs and their target genes were declared by both by next-generation sequencing and Quantitative Real-Time PCR. Gene Ontology (GO), and MapMan pathway analyzes of the target genes were performed to determine which metabolic pathways they play a role in.

As a result of the sequencing results obtained in the first stage of the study and the analyzes performed with bioinformatic tools, miRNAs and their target genes, which are thought to have

a role in the drought response, were controlled by qRT-PZR. One of the identified miRNAs is tae-miR159a. According to the miRseq results of this miRNA, it was observed that its expression level decreased in the leaf tissue of all 3 wheat species and this was confirmed by the qRT-PZR results. On the other hand, as expected, expression of tae-miR159a's 3 target genes increased in Yuregir-89 and Kızıltan-91 and decreased in Siyez. On the flip side, in root tissues of Yüreğir-89, both tae-miR159a and target genes showed a similar expression profile in leaf tissues, while expression of miRNA increased and target genes decreased in Siyez and Kızıltan-91. As a result, it was shown that among the wheat species with different chromosome sets, which miRNAs function and differentially expressed as a result of drought stress. Besides that, since the studied wheat cultivars which are known to respond differently to drought stress have different ploidy levels, the status of identified and yet unidentified new miRNAs in drought-sensitive and resistant individuals, and from which wheat strain these miRNAs originate, are also investigated for the first time in this study. In addition, the target genes of the identified miRNAs were detected in wheat species that respond differently to drought with the help of both bioinformatics methods and degradome libraries, and gene expression analyzes of these target genes were checked with Quantitative Real-Time PCR and then Gene Ontology and MapMan pathway analyzes were performed.

Althought, many miRNAs associated with abiotic stress have been identified in different tissues of the wheat until to date, there is lack of information in the literature regarding the detection and analysis of miRNAs that can respond to drought stress in wheat varieties with different ploidy levels. For this reason, this study has revealed the data about the elucidation of molecular mechanisms related to drought stress in Turkish wheat varieties with different chromosome sets and different drought tolerance characteristics.

KEYWORDS: Wheat, Ploidy, Drought Stress, miRNA, Target Genes, Bioinformatics, Quantitative Real-Time PCR

June 2022, 378 Page

TEŞEKKÜR

Tez çalışmasının her aşamasında ilgisini, bilimsel birikimini, deneyimini ve her türlü desteğini esirgemeden her zaman yanımda olan değerli danışman hocam Sayın Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU'na hoşgörü ve anlayışından ötürü sonsuz saygı ve şükranlarımı sunarım.

Doktora öğrenimim süresince, bilgisi ve tecrübesiyle rehberlik eden, destek olan Sayın Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU'na; görüş ve önerileriyle yol gösteren Sayın Doç. Dr. Barış BANİ'ye; tez çalışmamı değerlendiren ve çok değerli katkılarını sunan Sayın Prof. Dr. Ekrem GÜREL ve Sayın Prof. Dr. Yelda ÖZDEN ÇİFTÇİ'ye içtenlikle teşekkür ederim.

Tez çalışmam boyunca, desteklerini esirgemeyen başta Sayın Arş. Gör. Mustafa ÖÇAL ve Sayın Necdet Mehmet ÜNEL olmak üzere tüm çalışma arkadaşlarıma teşekkürü borç bilirim.

Bugünlere gelmemde en büyük emek sahibi olan, maddi ve manevi desteklerini hep yanımda hissettiğim annem Feride ULU ve babam Mustafa ULU'ya minnettarım. Sevgi ve destekleriyle bana her zaman yoldaşlık eden kardeşlerim Kübra ULU MARAŞ ve Bekir ULU'ya sonsuz sevgilerimi sunarım.

Sevgisini, desteğini esirgemeyen, beni sürekli çalışmaya teşvik eden, hayat arkadaşım diğer yarım eşim sevgili Hatice Bike ULU'ya ve canım oğlum Bilgehan'a en içten sevgi ve şükranlarımı sunarım.

Çalışmamız TÜBİTAK Araştırma Destek Programları Başkanlığı (ARDEB) 1001 kodlu Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Projelerini Destekleme Programı kapsamında 215Z354 numaralı "Farklı Ploidi Seviyelerine Sahip Türk Buğday Çeşitlerinde Kuraklık Stresi Altında mikroRNA'ların Derinlemesine Dizilenmesi ve Hedef Genlerin Analizi" başlıklı proje ile desteklenmiştir. TÜBİTAK-ARDEB'e sağlamış olduğu destekten dolayı teşekkür ederim.

Ferhat ULU

Kastamonu, 2022

İÇİNDEKİLER

Sayfa

TEZ ONAYI ..... **ii**
TAAHHÜTNAME ..... **iii**
ÖZET ..... **iv**
ABSTRACT ..... **vi**
TEŞEKKÜR ..... **viii**
İÇİNDEKİLER ..... **ix**
ŞEKİLLER DİZİNİ ..... **xii**
TABLOLAR DİZİNİ ..... **xviii**
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ ..... **xix**
1. GİRİŞ **1**
2. LİTERATÜR ÖZETİ **5**
2.1 Buğday (*Triticum* L.) Cinsi İle İlgili Genel Bilgiler 5
2.1.1 Sistematik Sınıflandırma 5
2.1.2 Kökeni ve Evrimsel Tarihi 7
2.1.3 Dünya ve Türkiye'deki Üretimi 10
2.1.4 Kullanım Alanları ve Besinsel Değeri 13
2.2 Bitkilerdeki Kuraklık Stresi 16
2.2.1 Kuraklık Stresinin Moleküler Mekanizması 19
2.2.2 Buğday'da Kuraklık Stresi 27
2.3 Transkriptom Analizi ve Kullanılan Teknikler 31
2.3.1 Gen İfadesinin İncelenmesi 32
2.3.2 miRNA İfadelerinin İncelenmesi 33
2.3.3 Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi 35
2.3.4 qRT-PZR 36
2.4 Biyoinformatik Analizler 37
2.4.1 Transkriptom Analizinde Kullanılan Paket Programlar 38
2.4.2 Yolak Analizi Programları 38
2.4.3 Anotasyon Programları 39
2.5 Çalışmanın Amacı 40
3. YÖNTEM **41**
3.1 Araç, Gereç ve Kullanılan Kitler 41
3.2 Bitkilerin Yetiştirilmesi ve Stres Uygulamaları 41
3.2.1 Bitki Materyalleri 41
3.3 Küçük RNA' larca Zengin Total RNA İzolasyonu, RNA karekterizasyonu, cDNA sentezi 45
3.3.1 mirVana™ Kiti ile Küçük RNA (sRNA)' larca Zengin Total RNA İzolasyonu 45
3.3.2 RNA'ların Saflaştırılması 47
3.3.3 Agaroz Jel Elektroforezi 47
3.3.4 Biyoanalizör Analizi 49
3.4 Kütüphanelerinin Kurulması ve Yeni Nesil Dizileme (NGS) İle Dizilenmesi 50
3.4.1 Kütüphanelerin Oluşturulması için Deneysel Akış 50

3.4.2 Derinlemesine miRNA (miRDeep) Dizileme için Kütüphanelerin Oluşturulması ve miRNA Dizileme 51
3.5 miRNA' ların Biyoinformatik Analizleri, Tanımlanmaları, Hedef Genlerin Belirlenmesi 51
3.5.1 Kütüphanelerin *In silico* Analizleri 51
3.5.2 Kuraklık ile İlişkili miRNA' ların Belirlenmesi 53
3.5.3 Degradom Kütüphaneleri Aracılığı İle Hedef Genlerin Belirlenmesi 54
3.5.4 Biyoinformatik Programlar Aracılığıyla miRNA Hedef Genlerinin Belirlenmesi 55
3.5.5 GO (Gene Ontology) ve MapMan Site of Analysis ile Yolak Analizleri 56
3.6 miRNA' ların ve Hedef Genlerin Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR ile İfade Analizleri 56
3.6.1 RNA Örneklerinin Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR Analizleri için Hazırlaması 56
3.6.1.1 Total RNA İzolasyonu 56
3.6.1.2 İzole RNA'ların Konsantre Edilmesi 57
3.6.1.3 Komplementer DNA Sentezi 58
3.6.2 Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR Analizleri 58
3.6.3 miRNA' ların qRT-PZR Analizleri 58
3.6.4 Hedef Genlerin qRT-PZR Analizleri 59
3.6.5 İnternal Kontrol Genin Belirlenmesi 59
3.6.6 İnternal Kontrol Genin Belirlenmesi 60
3.7 İstatistiksel Analiz 62
4. BULGULAR VE TARTIŞMA 63
4.1 Bitki Materyali ve Kuraklık Stresi Uygulanması 63
4.1.1 Bitkilerin Büyütülmesi ve Stres Uygulaması 63
4.2 RNA İzolasyonu, Kalite, Saflık ve Konsantrasyon Analizleri 65
4.2.1 Küçük RNA'lar Bakımından Zengin RNA İzolasyonu 65
4.2.2 Biyoanalizör Sonuçları 67
4.2.3 RNA Örneklerinin Muhafaza Edilmesi ve Gönderilmesi 71
4.3 miRNA'ların Yeni Nesil Dizileme Analiz Sonuçları 71
4.4 miRNA' ların Biyoinformatik Analizleri, Tanımlanmaları ve Hedef Genlerin Belirlenmesi 87
4.4.1 miRNA Analizleri 87
4.4.2 miRNA Hedefe Genlerinin Analizi 115
4.4.3 Yeni (Novel) miRNA'ların Tanımlama Analizleri 123
4.5 miRNA' ların ve Hedef Genlerin Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR (qRT-PZR) ile İfade Analizleri 133
4.5.1 Aday İnternal Kontrol Geninin Belirlenmesi 135
4.5.2 Kantitatif Real Time PZR ile miRNA' ların ve Hedef Genlerin İfade Analizleri 136
4.5.2.1 tae-miR159a 136
4.5.2.2 tae-miR156 141
4.5.2.3 Tae-miR167c 145
4.5.2.4 tae-mir5048 150
4.5.2.5 tae-miR9664 154
4.5.2.6 tae-miR9672a 158

4.5.2.7 Novel miRNA16009 161
5. SONUÇ VE ÖNERİLER 165
KAYNAKLAR 169
EK A Her üç buğday türü için yaprak dokusunda degradom analizi sonucunda tespit edilen hedef genlerin ifade seviyesindeki farklılıklar 195
EK B Her üç buğday türü için kök dokusunda degradom analizi sonucunda tespit edilen hedef genlerin ifade seviyesindeki farklılıklar 196
EK C Hücre fonksiyonları, regülasyon ve RNA-Protein ilişki yolaklarını gösteren MapMan grafikleri 197
EK D Yeni miRNA'ların mfe' ye göre çizilmiş ikincil yapıları 198
EK E Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait yaprak dokularında kontrol ve stres uygulamasından sonra belirlenen miRNA' ların hedef genleri ve bunların anotasyon bilgileri 199
EK F Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kök dokularında kontrol ve stres uygulamasından sonra belirlenen miRNA' ların hedef genleri ve bunların annatasyon bilgileri 268
EK G Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait yaprak ve kök dokularında kontrol ve stres uygulamasından sonra miRNA' ların degradom analizi ile belirlenen hedef genleri, bunların annatasyon bilgileri, PFAM numaraları, en iyi Arabidposis ve çeltik gen karşılıkları ile miRNA ve hedef genlerinin istatistiki bilgileri 308
EK H miRNA dizileme sonucunda tespit edilen diğer (novel) miRNA' lar 351

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa

Şekil 2.1 Buğday cinsinin sistematik sınıflandırması 5
Şekil 2.2 Buğday tarımının başlangıcı 8
Şekil 2.3 Buğday türlerinin evrimi 10
Şekil 2.4 1961-2020 yılları arasında Dünya buğday ve toplam tahıl üretimi ... 11
Şekil 2.5 1961-2020 yılları arasında Dünya buğday ve toplam tahıl hasat alanı 12
Şekil 2.6 1961-2020 yılları arasında Dünya Buğday üretimi ve hasat alanı 12
Şekil 2.7 1961-2020 yılları arasında Dünya ortalama buğday üretimi 13
Şekil 2.8 1961-2020 yılları arasında Türkiye buğday üretimi 13
Şekil 2.9 1961-2020 yılları arasında Dünya ve Türkiye buğday verimi 14
Şekil 2.10 1961-2020 yılları arasında Türkiye'nin Dünya buğday üretimindeki payı 15
Şekil 2.11 Tahıllardan elde edilen günlük kalori (A) ve protein (B) ihtiyacını karşılama oranı 16
Şekil 3.1 Bitkilerin yetiştirilmesi ve stres uygulaması süresince günlük olarak serada ölçülen en düşük ve en yüksek sıcaklık değerleri 43
Şekil 3.2 *T. aestivum* cv. Yüreğir-89' a ait kontrol ve kuraklık stresi uygulaması sonucunda saksıların ağırlıkları. 43
Şekil 3.3 *T. monococcum* cv. Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresi uygulaması sonucunda saksıların ağırlıkları. 44
Şekil 3.4 *T. turgidum durum* cv. Kızıltan-91' e ait ait kontrol ve kuraklık stresi uygulaması sonucunda saksıların ağırlıkları. 44
Şekil 3.5 RNA'ların miktar ve kalite tayininin spektrofotometrik olarak gerçekleştirildiği MultiscanGO nano-spektrofotometre cihazı 46
Şekil 3.6 RNA örneklerinin elektroforez ile yürütüldüğü elektroforez tankı ... 48
Şekil 3.7 Elektroforez sonrasında jel görüntüsünün alındığı görüntüleme sistemi 48
Şekil 3.8 RNA'ların daha hassas kalite tayinine olanak sağlayan Agilent 2100 Biyoanalizer cihazı 48
Şekil 3.9 miRNA dizileme çalışmaları ve ön hazırlıkları deney akış şeması ... 50
Şekil 3.10 Degradome dizileme yönteminin şematize gösterimi 55
Şekil 3.11 Roche LightCycler 480 II qPCR cihazı 60
Şekil 4.1 Yüreğir-89 çeşitine ait kontrol ve kuraklık stresi gruplarının çimlenme (A), büyüme (B), kuraklık stresi başlangıç (C) ve bitiş (D) aşamaları 64
Şekil 4.2 Siyez çeşitine ait kontrol ve kuraklık stresi gruplarının çimlenme (A), büyüme (B), kuraklık stresi başlangıç (C) ve bitiş (D) aşamaları 65
Şekil 4.3 Kızıltan-91 çeşitine ait kontrol ve kuraklık stresi gruplarının çimlenme (A), büyüme (B), kuraklık stresi başlangıç (C) ve bitiş (D) aşamaları 66
Şekil 4.4 İzole RNA örneklerinin jel elektroforez görüntüleri. Örneklerin numaralandırılması Tablo 1 ve 2'ye göre yapılmıştır. 66

Şekil 4.5 Yüreğir-89' den izole edilen RNA örneklerinin yalancı jel görüntüleri kontrol yaprak (A), kontrol kök (B), stres yaprak (C) ve stres kök (D) 68
Şekil 4. 6 Siyez' den izole edilen RNA örneklerinin yalancı gel görüntüleri kontrol yaprak (A), kontrol kök (B), stres yaprak (C) ve stres kök (D) 69
Şekil 4.7 Kızıltan-91' den izole edilen RNA örneklerinin yalancı gel görüntüleri kontrol yaprak (A), kontrol kök (B), stres yaprak (C) ve stres kök (D) 70
Şekil 4.8 Yüreğir-89' a ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda nükleotidlerin kalite değerlerinin yüzdesel oranı 72
Şekil 4.9 Siyez' e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda nükleotidlerin kalite değerlerinin yüzdesel oranı 73
Şekil 4.10 Kızıltan-91' e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda nükleotidlerin kalite değerlerinin yüzdesel oranı 73
Şekil 4.11 Yüreğir-89' a ait örneklerin küçük RNA uzunluk dağılım analizi .. 74
Şekil 4.12 Siyez' e ait örneklerin küçük RNA uzunluk dağılım analizi 75
Şekil 4.13 Kızıltan-91' e ait örneklerin küçük RNA uzunluk dağılım analizi .. 76
Şekil 4.14 Yüreğir-89'a ait kontrol örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri 78
Şekil 4.15 Yüreğir-89'a ait stres örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri 79
Şekil 4.16 Siyez'e ait kontrol örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri 80
Şekil 4.17 Siyez'e ait stres örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri 81
Şekil 4.18 Kızıltan-91'e ait kontrol örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri 82
Şekil 4.19 Kızıltan-91'e ait stresörneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri 83
Şekil 4.20 Yüreğir-89' a ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda tüm küçük RNA' larının sınıflandırılması 84
Şekil 4.21 Siyez'e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda tüm küçük RNA' larının sınıflandırılması 85
Şekil 4.22 Kızıltan-91'e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda tüm küçük RNA' larının sınıflandırılması 86
Şekil 4.23 Yapılan biyoinformatik analizler 90
Şekil 4.24 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak örneklerinde tür spesifik ve ortak olan miRNA' lar ve ifade seviyeleri. 91
Şekil 4.25 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök örneklerinde tür spesifik ve ortak olan miRNA' lar ve ifade seviyeleri. 91
Şekil 4.26 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyeleri. 92
Şekil 4.27 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyeleri. 93

Şekil 4.28 Yüreğir-89'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri. 95
Şekil 4.29 Yüreğir-89'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri. 96
Şekil 4.30 Siyez'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri. 99
Şekil 4.31 Siyez'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri. 100
Şekil 4.32 Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri. 103
Şekil 4.33 Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri. 104
Şekil 4.34 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak ve kök dokularında ortak olan miRNA'ların ifade seviyelerinin log2 tabanında gösterimi 105
Şekil 4.35 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak ve kök dokularında ortak olan miRNA'lardan ifadesi en belirgin ve yüksek seviyede artan veya azalan miRNA' ların buğday çeşitlerine göre listelenmesi 106
Şekil 4.36 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi. 109
Şekil 4.37 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi. 110
Şekil 4.38 Sadece Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'da bulunan ve Siyez' de bulunmayan kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin log2 tabanında gösterimi. 111
Şekil 4.39 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi. 113
Şekil 4.40 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi. 114
Şekil 4.41 Sadece Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'da bulunan ve Siyez' de bulunmayan kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin log2 tabanında gösterimi. 115
Şekil 4.42 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında türe özgü ve ortak olan miRNA' ların hedef gen sayıları ve onların anotasyon bilgileri. 117
Şekil 4.43 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında türe özgü ve ortak olan miRNA' ların hedef gen sayıları ve onların anotasyon bilgileri. . 118
Şekil 4.44 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait yaprak dokularında degradom analizine göre kontrolde ifadesi olmayan ancak kuraklık stresi sonucunda ifadesi seviyesi artan hedef genlerin ısı haritası. 121

Şekil 4.45 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' de yaprak ve kök dokularında tespit edilen miRNA' ların hedef genlerinin MapMan' de bulunan tüm yolaklardaki genel görünümü. 122
Şekil 4.46 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' de yaprak ve kök dokularında tespit edilen miRNA' ların hedef genlerinin MapMan' de bulunan biyotik stres yolağındaki görünümü. 123
Şekil 4.47 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' de yaprak ve kök dokularında tespit edilen miRNA' ların hedef genlerinin MapMan' de bulunan transkripsiyon faktörlerin görünümü. 124
Şekil 4.48 Yeni (novel) miRNA' ların mfe' ye göre çizilmiş ikincil yapıları 126
Şekil 4.49 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri. 127
Şekil 4.50 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri. 128
Şekil 4.51 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri. 129
Şekil 4.52 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri. 131
Şekil 4.53 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.. 132
Şekil 4.54 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri. 134
Şekil 4.55 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 137
Şekil 4.56 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 137
Şekil 4.57 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 139
Şekil 4.58 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR159a' nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri. 139
Şekil 4.59 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri. 140
Şekil 4.60 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 140
Şekil 4.61 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR156' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 142
Şekil 4.62 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR156' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 143
Şekil 4.63 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR156' nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 143

Şekil 4.64 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR156' nın qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 143
Şekil 4.65 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR156' nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 145
Şekil 4.66 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR156' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 145
Şekil 4.67 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 146
Şekil 4.68 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 147
Şekil 4.69 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 148
Şekil 4.70 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 148
Şekil 4.71 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 149
Şekil 4.72 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 149
Şekil 4.73 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 151
Şekil 4.74 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-mir5048' in ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 151
Şekil 4.75 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 152
Şekil 4.76 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-mir5048' in ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 153
Şekil 4.77 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 153
Şekil 4.78 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 154
Şekil 4.79 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 155

Şekil 4.80 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 155
Şekil 4.81 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 156
Şekil 4.82 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 156
Şekil 4.83 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 157
Şekil 4.84 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 157
Şekil 4.85 Yüreğir-89' a ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9672a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 159
Şekil 4.86 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae- miR9672a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 160
Şekil 4.87 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae- miR9672a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 161
Şekil 4.88 Yüreğir-89'a ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, Novel miRNA16009' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 162
Şekil 4.89 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, Novel miRNA16009' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri 163
Şekil 4.90 Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, Novel miRNA16009' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri..... 163

TABLOLAR DİZİNİ

Sayfa

Tablo 2.1 Mac Key (2005) e göre sınıflandırma 6
Tablo 2.2 Dorofeev vd. (1979) e göre sınıflandırma 7
Tablo 2.3 Ekmekten sağlanan besinsel öğelerin günlük ihtiyacı karşılama oranı (%) 15
Tablo 3.1 DNaz reaksiyon kurulumu ve uygulama basamakları 47
Tablo 3.2 miRNA' ların ve hedef genlerin ifade analizlerinde kullanılacak olan primer setleri..... 61
Tablo 3.3 Aday internal kontrol genlerine ait primerler..... 62
Tablo 4.1 miRNA dizilemeleri için RNA konsantrasyon ve saflık değerleri .. 67
Tablo 4.2 Degradom analizleri için RNA konsantrasyon ve saflık değerleri... 67
Tablo 4.3 miRNA kütüphanelerine ait ham ve temizlenmiş veriler..... 71
Tablo 4.4 miRNA kütüphanelerinin temizlenmiş verilerin anotasyon sonuçları 77
Tablo 4.5 Yeni (novel) miRNA' ların genomda bulunduğu lokasyon, mfe (maksimum serbest enerji) değeri ve bulunma sıklığı 125
Tablo 4.6 NormFinder ve BestKeeper algoritmalarında kullanılan 18srRNA, β-Actin ve *GAPDH* internal kontrol aday genlere ait qRT-PZR analiz sonuçları..... 135
Tablo 4.7 NormFinder algoritmasının analizi sonucu. Sabitlik değerine göre GAPDH geni internal kontrol gen olarak seçilmiştir..... 135
Tablo 4.8 BestKeeper algoritmasının analizi sonucu. Standard deviasyona göre GAPDH geni internal kontrol gen olarak seçilmiştir..... 135
Tablo 4.9 tae-mir5048' için hem biyoinformatik hem de degradom analiz sonuçlarına göre seçilen üç farklı hedef genin kod ve annotasyon bilgileri 153

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

µL	**:** Mikrolitre
~	**:** Yaklaşık
µg	**:** Mikrogram
gr	**:** Gram
mL	**:** Mililitre
cm	**:** Santimetre
mm	**:** Milimetre
nm	**:** Nanometre
˚C	**:** Santigrad Derece
%	**:** Yüzde
α	**:** Alfa
β	**:** Beta
&	**:** Ve
g	**:** Yer Çekimi İvmesi
U	**:** Ünite
M	**:** Molar
mM	**:** Milimolar

Kısaltmalar

FAO	**:** Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Organizasyonu
NCBI	**:** Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
EMBL	**:** Avrupa Moleküler Biyoloji Laboratuvarı
DDJB	**:** Japonya DNA Databank
DNA	**:** Deoksiribonükleik asit
RNA	**:** Ribonükleik asit
cDNA	**:** Komplementer DNA
NGS	**:** Yeni Nesil Dizileme
qRT-PZR	**:** Kantitatif Gerçek Zamanlı Polimeraz Zincir Reaksiyonu
miRNA	**:** MikroRNA
mRNA	**:** Mesajcı RNA
GO	**:** Gen Ontoloji
ABA	**:** Absisik Asit
M.Ö.	**:** Milattan Önce
MYÖ	**:** Milyon Yıl Önce
RPM	**:** Dakikada Devir Sayısı

1. GİRİŞ

Canlıların en temel güdüsü hayatta kalmak ve yaşamlarını sürdürmektir. Canlılar, hayatlarını devam ettirmek için ihtiyaç duydukları enerji ve vücutlarını inşa etmede kullandıkları yapıtaşlarını besinlerden sağlamaktadırlar. 1943 yılında Amerikalı psikolog Abraham Maslow tarafından ortaya atılan İnsan Motivasyon Teorisine göre, beslenme ihtiyaçlar hiyerarşisi içerisinde ilk sırada yer almaktadır (Maslow, 1943). Bu nedenle beslenme, insan türü için de ilk sırada gelen ihtiyaç olmuştur.

Türümüz ortaya çıkışından itibaren beslenme ihtiyacını ilk olarak doğada var olan bitki ve hayvanlardan sağlamaktaydı. Avcı-toplayıcı strateji, besin sağlamak için hâlihazırda doğada bulunan bitkisel ve hayvansal kaynakları kullanmayı temel edinmektedir. Doğal kaynakların sınırlı olmasının yanında iklime, coğrafyaya, mevsimselliğe göre değişkenlik göstermesi gıda arz güvenliğini tehlikeye atıyor, bunlara erişebilmek için sürekli hareket halinde olma zorunluluğu ise insan topluluklarını, güvenliklerini sağlayabilecekleri sabit ve korunaklı alanlarda barınmaya imkân vermediğinden açık arazide tehditlere karşı savunmasız hale getiriyordu.

Tarım Devrimi ya da diğer bir deyişle Neolitik Devrim adı verilen, popülasyonumuzun sosyo-ekonomik yapısında köklü değişikliğe neden olan süreç, insan topluluklarının daha büyük gruplar halinde yerleşik düzende birarada yaşayarak, ihtiyaçları olan bitkisel ve hayvansal kaynakların yeterli miktarda üretilmesini sağlamıştır. Böylece avcı-toplayıcı stratejinin handikapı olan gıda arz güvenliğini kontrol ederek, zaman ve mekândan bağımsız olarak populasyonun gereksinimi olan besinleri sürdürülebilir olarak sağlamıştır.

İnsanlık tarihinini dönüm noktası olan Tarım devriminin, günümüzden 10.000 yıl önce Erken Neolitik dönemde Bereketli Hilal veya Mezopotamya olarak adlandırılan bölgede başladığı kabul edilmektedir (Lev-Yadun vd., 2000). Bununla beraber, tahıl kullanımının ilk adımlarının yine aynı bölgede yer alan Taberiye Gölü (Sea of Galilee) çevresinde bulunan yabani tohumlar esas alınarak günümüzden 19.000 yıl önce başladığına dair bulgular ortaya çıkarılmıştır (Kislev vd., 1992). Gerçek anlamda yani

ehlileştirilmiş bitkilerin yetiştirilmesi ile yapılan tarımın başlangıcı ise 10.000 yıl öncesine adreslenmektedir (Harlan ve Zohary, 1966; Ladizinsky, 1998; Lev-Yadun vd., 2000).

Neolitik Devrimle birlikte ilk evcilleştirilen 8 adet bitki tanımlanmıştır. Bunlar, Siyez (Einkorn wheat, *Triticum monococcum* subsp. monococcum), Gernik (Emmer wheat, *Triticum turgidum* subsp. dicoccum) ve Arpa (*Hordeum vulgare*) olmak üzere 3 adet tahıl; Mercimek (*Lens culinaris*), Bezelye (*Pisum sativum*), Nohut (*Cicer arietinum*) ve Burçak (*Vicia ervilia*) olmak üzere 4 adet baklagil; ve Keten (*Linum usitatissimum*)'dir (Zohary vd., 2012).

Buğday bütün dünyada ıslahı yapılmış, dünya genelinde temel gıda maddesi olarak tüketilen ve bu yüzden, tahıl olarak sınıflandırılan tohumu için yaygın olarak yetiştirilen tek yıllık otsu bir bitkidir. Dünya genelinde ekilebilir alanların yaklaşık %15'i tek başına buğday yetiştirmek için kullanılmaktadır (FAO, 2020). Yine dünya genelinde besinlerden sağlanan kalorinin yaklaşık %25'i ve insan nüfusunun yaklaşık yarısının beslenmesi buğday ve ürünleri tüketilerek karşılanmaktadır (FAO, 2019).

İnsan beslenmesinin yanında çiftlik hayvanları için yem olarak önemli ölçüde kullanılmaktadır. Buğday taneleri öğütülülüp un haline getirilerek ya da öğütülmeden bulgur gibi tane halinde de tüketilebilir. Taneleri ayrıldıktan sonra bitkinin geri kalan kısımları saman olarak değerlendirilmektedir. Bu nedenle, yaklaşık 10.000 yıl önce gerçekleşen Tarım Devriminden günümüze kadar hemen hemen her devirde insanların en önemli gıda maddesi olmuştur.

Dünya nüfusunun beslenmesinde kritik öneme sahip buğdayın, biyotik ve abiyotik streslere karşı daha dayanıklı kılmak ve verimin arttırılması bilim dünyasının öncelikli çalışma alanları arasındadır. Günümüzde ıslah çalışmalarında genetik verilerden faydalanılması göz ardı edilemeyecek derecede önemlidir. İlk olarak buğdayın atalarının, A genomu vericisi olan *T. urartu* (2n=14; AA) (Ling vd., 2013) ve deli yulaf olarak bilinen D genomu vericisi *A. tauschii*'e (2n=14; DD) (Jia vd., 2013) ait genom taslak dizileri yayınlanmıştır. Daha sonra, 2005 yılında kurulan Uluslararası Buğday Genom Dizileme Konsorsiyumu (IWGSC) tarafından Dünya üzerinde en yaygın

üretimi yapılan ekmeklik buğdayın (*Triticum aestivum*) genom dizisi 2014 yılında taslak olarak (Lukaszewski vd., 2014) ve 2018 yılında ise tamamlanmış hali ile yayınlanmıştır (Appels vd., 2018).

Dünyadaki bu gelişmelerin paralelinde, Ülkemiz coğrafyasına özgü buğday çeşitlerinin ıslahının yapılarak verimin arttırılması ve daha önemlisi yapılan araştırmalara göre ilerleyen yıllarda iklim değişikliği nedeniyle hâlihazırda su stresi altında olan ve yakın gelecekte su kıtlığı yaşayacak olan Ülkemizde kuraklığa dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi için çalışmalar yürütülmektedir. Bu nedenle, Ülkemizin gıda arz güvenliği göz önünde bulundurularak, nüfusumuzun beslenmesinde önemli yeri olan buğday bitkisinin coğrafyamıza uyumlu yerel çeşitleri hakkında literatürde yeterli veri bulunmaması doktora tez konusunu şekillendiren motivasyonumuz olmuştur.

Tez çalışması kapsamında, kuraklık stresine karşı farklı derecede tolerans gösteren ve farklı ploidi seviyelerindeki 3 buğday çeşitinin, kuraklık stresine karşı mirnom (miRNA) ve transkriptom (mRNA) seviyesinde oluşturdukları yanıtlar yeni nesil dizileme teknolojisi (NGS) kullanılarak belirlenmiş ve elde edilen veriler biyoinformatik yöntemlerle analiz edilerek, kuraklık sonucu oluşan önceden tanımlanmış, tanımlanmamış yeni miRNA'ların ve onların hedef genlerinin ortaya çıkarılması amaçlanmıştır. Bu amaçla, Ülkemizde ekimi yapılan kuraklığa karşı yüksek tolerans gösteren tetraploid (2n=4X=AABB) makarnalık buğday çeşiti Kızıltan-91 (*Triticum turgidum*), orta derecede tolerans gösteren hekzaploid (2n=6X=AABBDD) ekmeklik buğday çeşiti Yüreğir-89 (*Triticum aestivum*) ve kuraklığa hassas olan diploid (2n=2X=AA) atasal buğday çeşidi Siyez (*Triticum monococcum*) çalışmaya konu edilmiştir.

İlk olarak her 3 çeşite ait bitkiler sera koşullarında yetiştirilmiş ve sonrasında kuraklığa maruz bırakılmışlardır. Stres uygulaması sonrasında bitkilerin kök ve yaprak dokularından örnekler alınarak total RNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. İzolatların Yeni Nesil Dizileme (NGS) yöntemi kullanılarak dizilemeleri tamamlanmış ve sonrasında mikroRNA ve degradom kütüphaneleri oluşturulmuştur. Elde edilen veriler yardımıyla, kontrol ve kuraklık uygulanmış örneklerin miRNA ifade profilleri

karşılaştırılarak, kuraklıkla ilgili miRNA'lar belirlenmiştir. Daha sonra degradom kütüphaneleri ve biyoinformatik yöntemlerle miRNA hedef genleri tespit edilmiştir. Ayrıca, hedef genlerin ontoloji, fonksiyon ve yolak analizleri yapılmıştır. Son olarak, *in silico* yöntemlerle yapılan miRNA ve hedef gen analizleri, Kantitatif Real-Time PCR ile doğrulanmıştır.

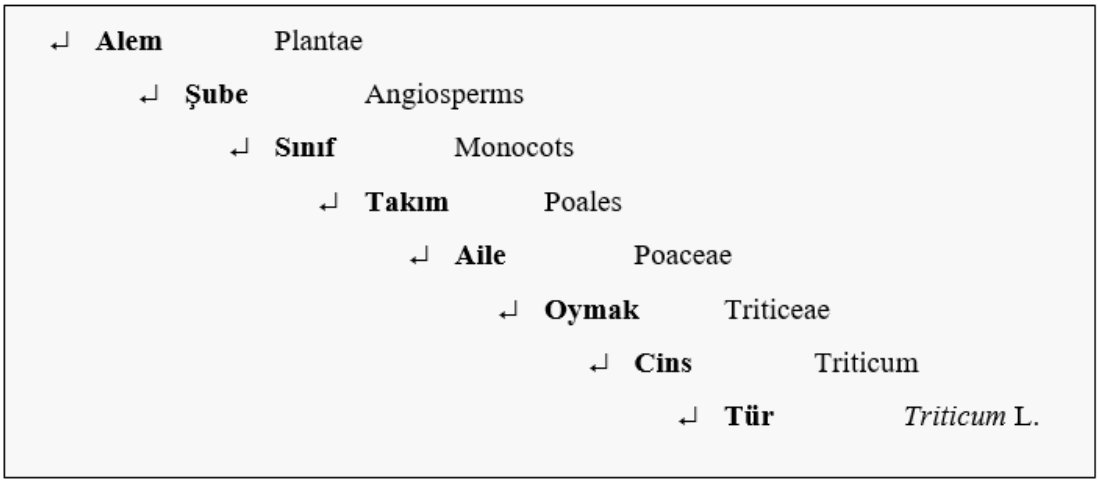
Bu tez çalışmasıyla elde edilen veriler, daha önceden buğdaya ait miRNA'lar belirlenmiş olsa da farklı ploidi seviyelerindeki buğday türlerinde kuraklık stresi altında önceden tanımlanmış miRNA'ların tespit edilmesi, tanımlanmamış yeni miRNA' ların farklı dokularda (kök ve yaprak) bulunması, bunların hedef genlerinin belirlenmesi ve ifade seviyelerinin incelenmesi hakkında literature katkı sağlayacaktır. Ayrıca moleküler seviyede kuraklık stresi ile ilgili mekanizmaların aydınlatılmasında ve Türk buğday çeşitleri üzerine yapılacak moleküler ıslah çalışmalarında öncü veri olarak kullanılabilecektir.

2. LİTERATÜR ÖZETİ

2.1 Buğday (*Triticum* L.) Cinsi İle İlgili Genel Bilgiler

2.1.1 Sistematik Sınıflandırma

Buğday; arpa ve çavdar gibi tahılları da içeren buğdaygiller ailesi içinde yer alan tek yıllık otsu tek çenekli kapalı tohumlu bir bitkidir (Şekil 2.1).



Şekil 2.1 Buğday cinsinin sistematik sınıflandırması

Birçok kültüre edilmiş bitkide olduğu gibi, buğday çeşitlerinin taksonomisi de tartışmalıdır. Dünya genelinde 25.000 kültürü yapılmış buğday çeşiti bulunmaktadır (Zohary, 1969). Bu nedenler, farklı sınıflandırmaların varlığı ve hatta bir tür için farklı isimlendirmelerin olması karışıklıklara neden olmaktadır (Goncharov, 2011). Buğday çeşitleri, çoğu araştırmacı tarafından özünde birinden farklı olan 2 ayrı sınıflandırmaya göre değerlendirilmektedir. Bunlardan biri Mac Key 2005 (Tablo 2.1) (Goncharov, 2011) diğeri ise Dorofeev vd. 1979 (Tablo 2.2) (Goncharov, 2011) tarafından tanımlanmıştır.

Tablo 2.1 Mac Key (2005) e göre sınıflandırma

Seksiyon (Bölüm)	Tür/Çeşit İsmi	2n	Genom
Monococcon	*T. monococcum* L.	14	AA
	ssp. *aegilopoides*		
	var. *thaoudar*		
	ssp. *monococcum*		
	var. *sinskajae*		
	T. urartu	14	AA
Dicoccoidea	*T. timopheevii*	28	GGAA
	ssp. *armeniacum*		
	ssp. *timopheevii*		
	var. *militinae*		
	T. turgidum (L.)	28	BBAA
	ssp. *dicoccoides*		
	subsp. *dicoccon*		
	subsp. *georgicum*		
	ssp. *turgidum*		
	ssp. *durum*		
	ssp. *turancium*		
	ssp. *polonicum* (L.)		
	ssp. *carthlicum*		
Triticum L. (*Speltoidea*)	*T. zhukovskyi*	42	GGAAAA
	T. kiharae	42	GGAADD
	T. aestivum	42	BBAADD
	ssp. *spelta* (L.)		
	ssp. *macha*		
	ssp. *compactum*		
	ssp. *sphaerococcum*		
	ssp. *aestivum*		
Triticosecale	*T. semisecale*	28	
	T. neoblaringhemii	42	
	T. rimpaui	56	

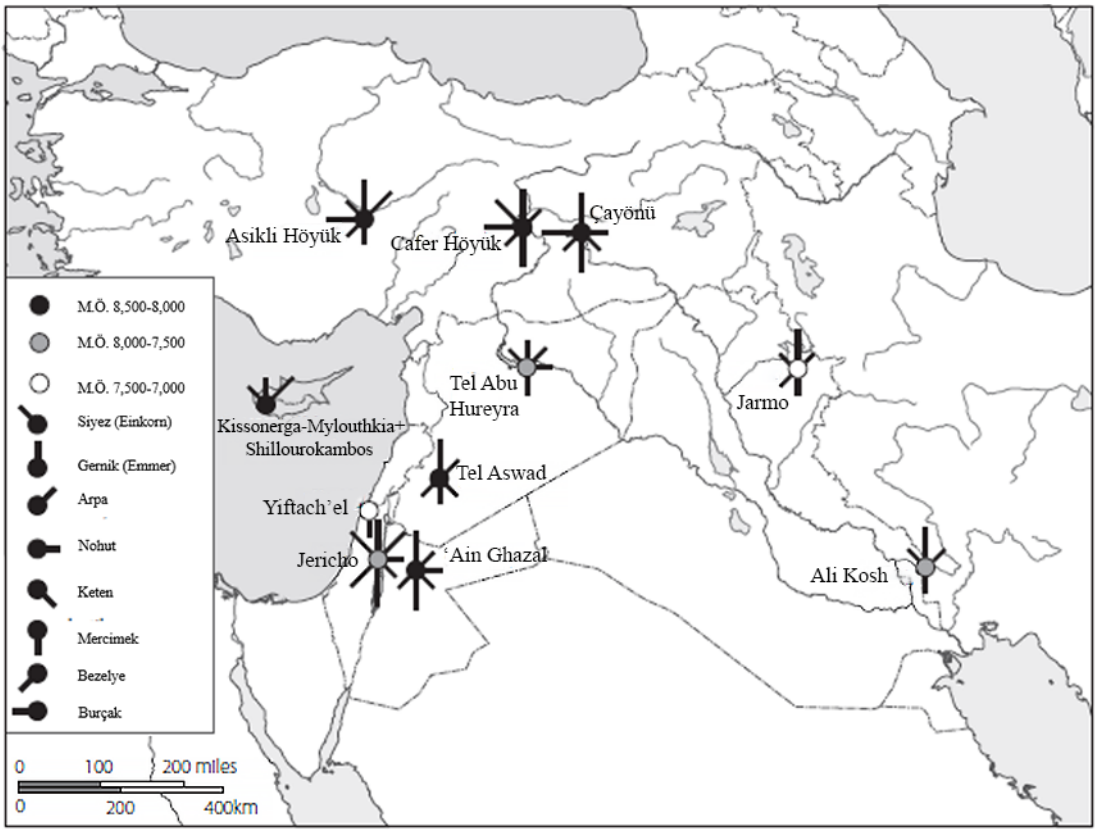
Tablo 2.2 Dorofeev vd. (1979) e göre sınıflandırma

Alt Cins	Seksiyon (Bölüm)	Tür Grubu	Tür	2n	Genom
Triticum	*Urartu*	Einkorn	*T. urartu*	14	A^u
	Dicoccoides	Emmer	*T. dicoccoides*	28	A^uB
			T. dicoccum		
			T. karamyschevii		
			T. ispahanicum		
	Triticum	Naked tetraploids	*T. turgidum*	28	A^uB
			T. jakubzineri		
			T. durum		
			T. turanicum		
			T. polonicum		
			T. aethiopicum		
			T. carthlicum		
		Spelt	*T. macha*	42	A^uBD
			T. spelta		
			T. vavilovii		
		Naked hekzaploid	*T. compactum*	42	A^uBD
			T. aestivumL		
			T. sphaerococcum		
			T. petropavlovskyi		
Boeoticum	*Monococcom*	Einkorn	*T. boeoticum*	14	A^b
			T. monococcum L.		
		Naked einkorn	*T. sinskajae*	14	A^b
	Timopheevii	Emmer	*T. araraticum*	28	A^bG
			T. timopheevii		
			T. zhukovskyi	42	A^bA^bG
		Naked tetraploid	*T. militinae*	28	A^bG
	Kiharae	Spelt	*T. kiharae*	42	A^bGD

2.1.2 Kökeni ve Evrimsel Tarihi

Buğday bugün olduğu gibi Eski Dünya tarımında da ekimi yapılan, yetiştirilen ve tüketilen en yaygın tahıldır (Harlan, 1992; Zohary vd., 2012). Buğdayın kullanımına dair, yabani tetraploid bir buğday türü olan *Triticum dicoccoides*'e ait, İsrail'in Ohalo II bölgesinde keşfedilen en eski tarihli kanıtlar 19.000 yıl öncesine işaret etmektedir

(Kislev vd., 1992). Buğdayın evcilleştirilerek tarımının başlaması ise diğer erken dönem tarım bitkileri ile birlikte M.Ö. 8.000'li yıllara yani günümüzden 10.000 yıl öncesine dayandığı, arkeolojik bulgularla kanıtlanmıştır (Harlan ve Zohary, 1966; Ladizinsky, 1998; Lev-Yadun vd., 2000).



Şekil 2.2 Buğday tarımının başlangıcı (Zohary vd., 2012)

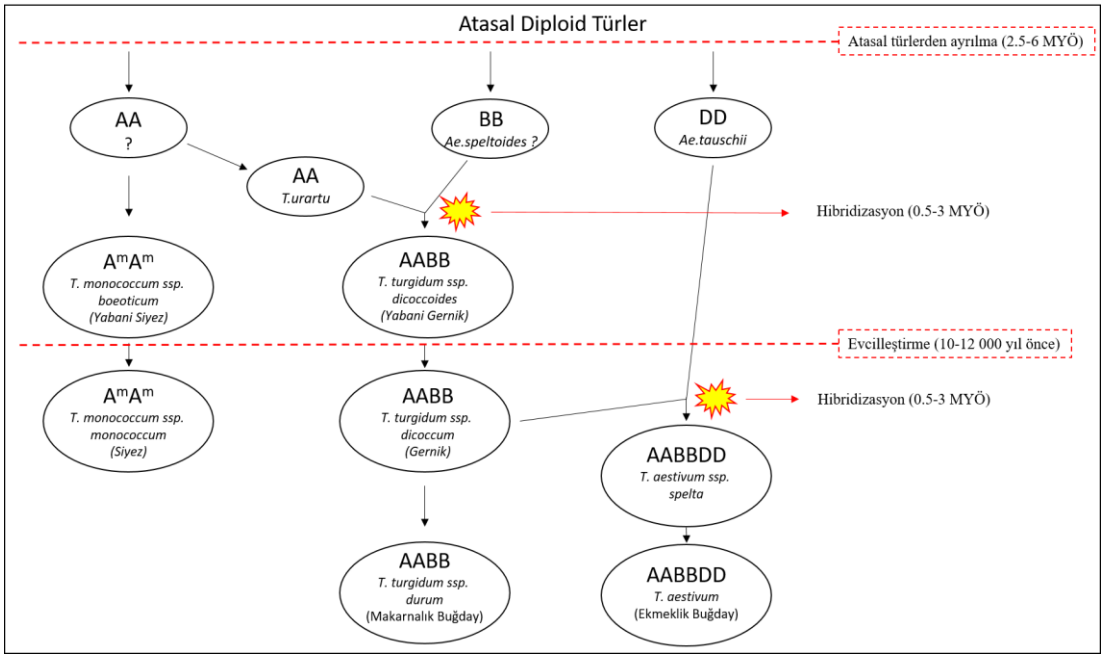
Tarımın Doğu Akdeniz ve Bereketli Hilalin kuzeyini de içine alan geniş bir alanda birkaç bölgede başladığını öne süren çalışmaların yanında (Weiss vd., 2006; Willcox vd., 2008), Mezopotamya'nın sadece belirli bir bölgesinde (örneğin Güneydoğu Anadolu) başladığını savunanlarda bulunmaktadır (Lev-Yadun vd., 2000; Salamini vd., 2002). Her iki hipotez de buğdayın Anadolu'dan köken aldığını göstermektedir. Türkiye'nin buğdayın yabani akrabalarının orjin bölgesi olması (Feldman ve Levy, 2015) bu hipotezleri desteklemektedir.

Amblyopyrum, *Aegilops* ve *Triticum* cinsleri Poaceae ailesinin Triticeae oymağı altında sınıflandırılmaktadır. Bu oymağın evrimi 65-54,8 milyon yıl önce (MYÖ) ilkel otların ortaya çıkışıyla başlamaktadır. 54,8-33,7 MYÖ otların gelişimini takiben 33,7-

23,8 MYÖ ilk Triticeae türleri görülmektedir. Buğday grubu diğer Poaceae ailesi üyelerinden yaklaşık 25 milyon yıl önce ayrılmıştır (Gaut, 2002; S. Huang vd., 2002). 5,3-1,8 MYÖ ise diploid *Aegilops* ve *Triticum* türleri evrimleşmiştir. 1,8-0,01 MYÖ her iki cinsin de allotetraploid ayrıca *Aegilops* cinsinin ise allohekzaploid türleri oluşmuştur. Sonrasında günümüze kadar gelen dönemde ise buğday evcilleştirilmiş, evcilleştirilmiş tetraploid ve ayrıca hekzaploid buğday oluşmuştur (Feldman ve Levy, 2015).

Diploid ve poliploid genoma sahip Triticeae üyeleri, 7 kromozomdan oluşan haploid kromozom setine sahiptir (x=7). Bu türlerin kromozom sayısı x=2-12 arasındadır ve türlerden %31'i diploid, %45'i tetraploid ve %17'si ise hekzaploiddir. Atasal Triticeae üyelerinin karyotipleri, bu kromozom sayısının n=12 atasal ot türlerinin genomunun 4 sentromerik kromozom birleşmesini takip eden 1 ayrılma ve 2 telomerik kromozom birleşmesi sonucu ortaya çıktığını göstermektedir (Feldman ve Levy, 2015).

Diploid genoma sahip *Aegilops* ve *Triticum* cinslerine dahil birkaç yabani atasal türün hibridizasyonu sonucu günümüz modern buğday türleri evrimleşmiştir. A genoma sahip atasal türden *Triticum monococcum ssp. boeoticum* (2n=2x=14, A^mA^m) ve *Triticum monococcum ssp. urartu* (2n=2x=14, AA) türemiştir. *T. monococcum ssp. boeoticum*'un evcilleşmesi ile *T. monococcum ssp. monococcum* (2n=2x=14, A^mA^m) ortaya çıkmıştır. A genom vericisi *T. monococcum ssp. urartu* (2n=2x=14, AA) ve B genom vericisi *Aegilops speltoides* (2n=2x=14, BB) veya bu türün yakın bir akrabasının allopoliploidizasyonu sonucu tetraploid *T. turgidum ssp. dicocoides* (2n=4x=28, AABB), bu türün kültüre alınması sonucu erken dönemde *T. turgidum ssp. dicoccum* (2n=4x=28, AABB) daha sonra ise *T. turgidum ssp. durum* (2n=4x=28, AABB) geliştirilmiştir. *T. turgidum ssp.* dicoccum'un D genom vericisi *Aegilops tauschii* (2n=2x=14, DD) ile hibridizasyonundan ise erken dönemde hekzaploid *T. aestivum ssp. spelta* (2n=6x=42, AABBDD) daha sonra ise *T. aestivum* (2n=6x=42, AABBDD) kültüre edilmiştir (Şekil 2.3) (Chantret vd., 2005).



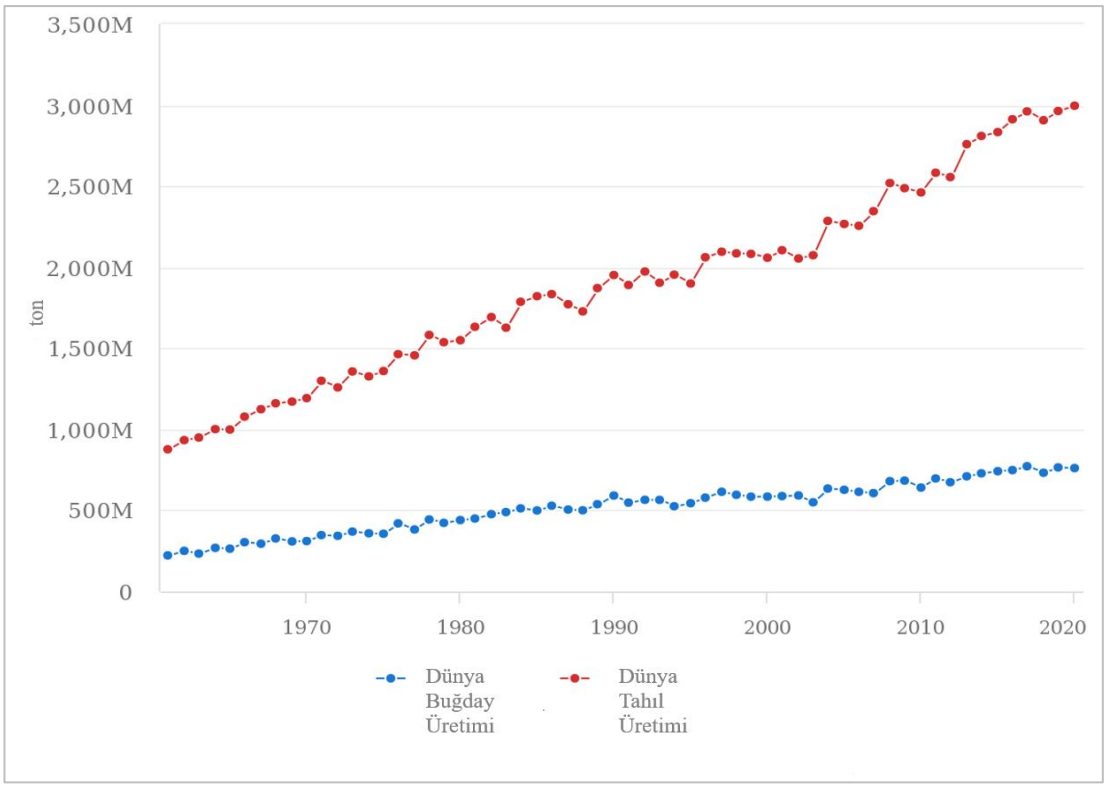
Şekil 2.3 Buğday türlerinin evrimi (Chantret vd., 2005)

2.1.3 Dünya ve Türkiye'deki Üretimi

Buğday Dünya'da 67° Kuzey enleminde İskandinavya, Rusya ve Kanada'dan 45° Güney enleminde Güney Amerikanın en uç noktasına Arjantine kadar çok geniş bir coğrafyada toprak bulunan hemen hemen her yerde yetiştirilmektedir (Feldman, 1995 akt. (Shewry ve Hey, 2015)).

Dünya genelinde en yaygın yetiştirilen başlıca buğday türü, "yaygın buğday" veya "ekmeklik buğday" olarak adlandırılan ve hekzaploid (2n=6X=42) genoma sahip *Triticum aestivum*'dur. Bunun yanında, tetraploid (2n=4X=28) genoma sahip *Triticum turgidum var. durum*, Akdeniz'i çevreleyen sıcak kuru koşullara ve diğer bölgelerdeki benzer iklimlere adapte olmuş tetraploid bir türdür. Makarna yapımında kullanıldığından genellikle "makarnalık buğday" veya "durum buğdayı" olarak adlandırılır. Bu iki türün yanı sıra, kültürel nedenlerle ya da sağlıklı beslenme pazarı için sınırlı alanlarda yetiştirilen buğday türleri de vardır. Bunlardan biri Ülkemizde yetiştirilen, diploid (2n=2X=14) genoma sahip Siyez (einkorn) (*T. monococcum var. monococcum*); bir diğeri tetraploid (2n=2X=28) genoma sahip gernik (emmer) (*T. turgidum var. dicoccum*); ve hekzaploid (2n=2X=42) genoma sahip kavuzlu buğday (spelt) (*T. aestivum var. spelta*)'dır (Shewry ve Hey, 2015).

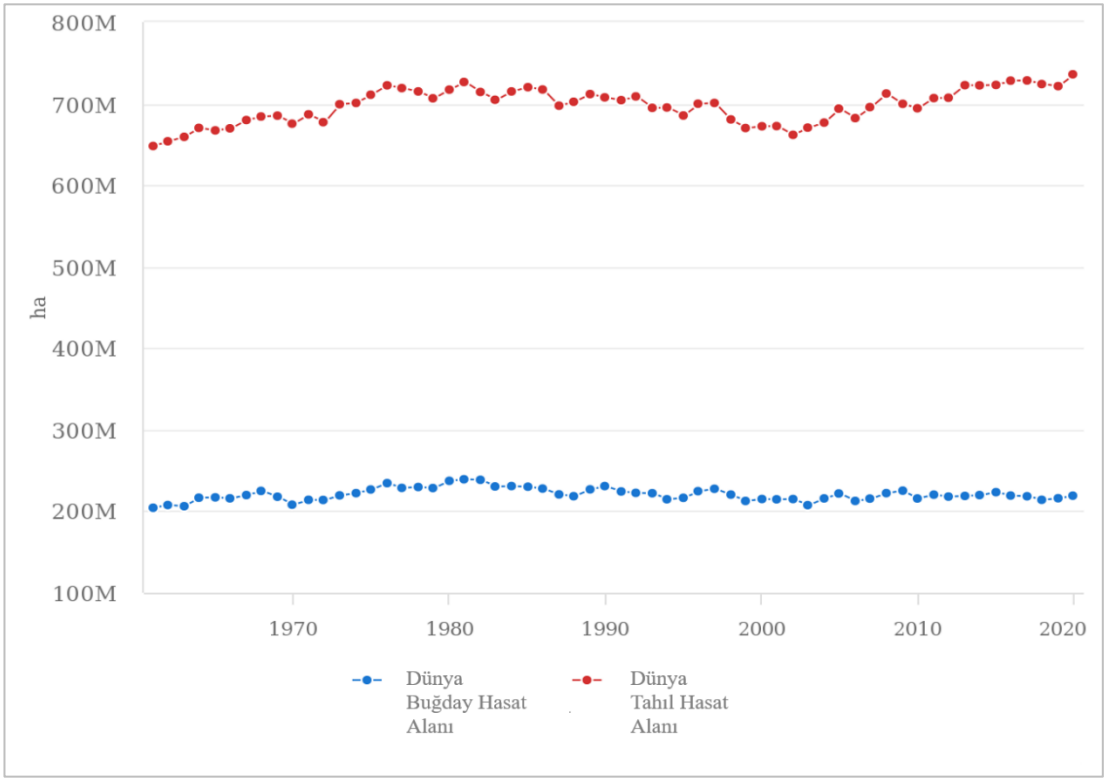
Buğday, 2020 yılında yaklaşık 219 milyon hektar ekilebilir alan ve 761 milyon ton üretim ile en önemli tahıllardan biri olup, ekim alanı olarak birinci ve üretim açısından ise mısırdan sonra ikinci sırada yer almaktadır (Şekil 2.4, Şekil 2.5) (FAO, 2020). Bu değerler toplam tahıllar içerisinde ekilebilir alanların yaklaşık %30'u ve toplam tahıl hasatı içerisinde yaklaşık %26 paya sahip olduğunu göstermektedir (Şekil 2.4, Şekil 2.5) (FAO, 2020). FAO (Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü) tarafından verilerin kaydedilmeye başlandığı 1961 yılından son raporun yayınlandığı 2020 yılına kadar, buğday ekim alanı yaklaşık %7 artmasına karşın, 1961 yılında ortalama 1.09 ton/ha olan buğday verimi, 2020 yılında ortalama 3.47 ton/ha değerine ulaşmış ve yaklaşık olarak %310 artış göstermiştir (Şekil 2.6) (FAO, 2020).



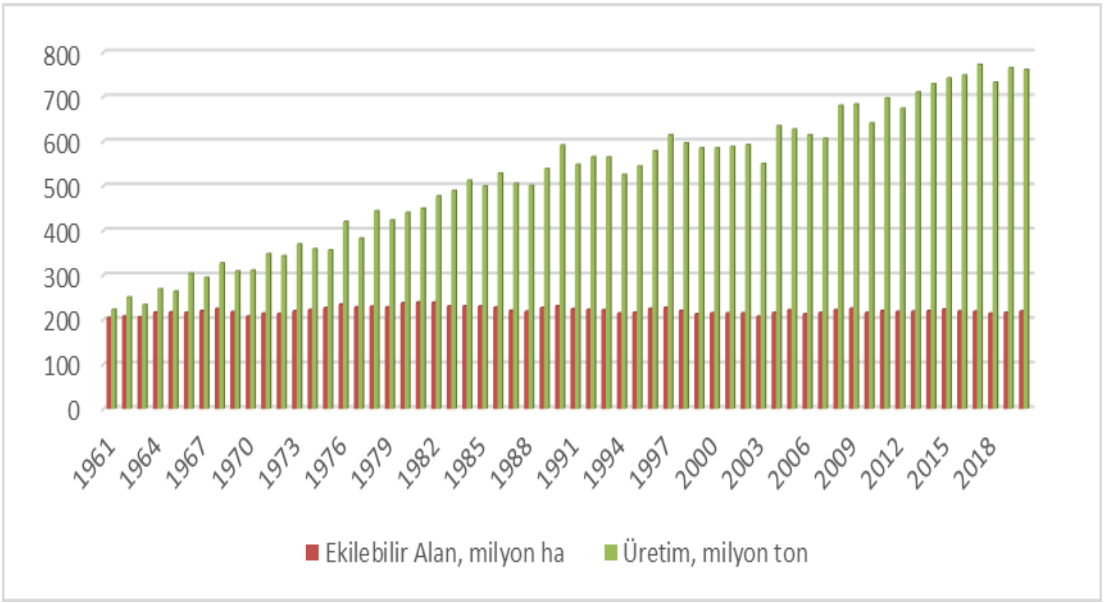
Şekil 2.4 1961-2020 yılları arasında Dünya buğday ve toplam tahıl üretimi (FAO, 2020)

Türkiye ise Dünya buğday üretiminde önemli ülkelerden biri olup, 6,9 milyon hektar ekilebilir alanda 20,5 milyon ton hasat ile dünya da ilk 10 ülke arasındadır (Şekil 2.7) (FAO, 2020). Ülkemizde buğday ekimi 1961 yılında 7.846.500 ha alanda yapılırken, 2020 yılına gelindiğinde 6.914.632 ha alana gerileyerek yaklaşık %3 daralma gerçekleşmiştir (Şekil 2.8) (FAO, 2020). Buna karşın 1961 yılında 7.135.000 ton hasat ile yaklaşık 0,91 ton/ha olan verim, 2020 yılında 20.500.000 ton hasat ve yaklaşık 2,96

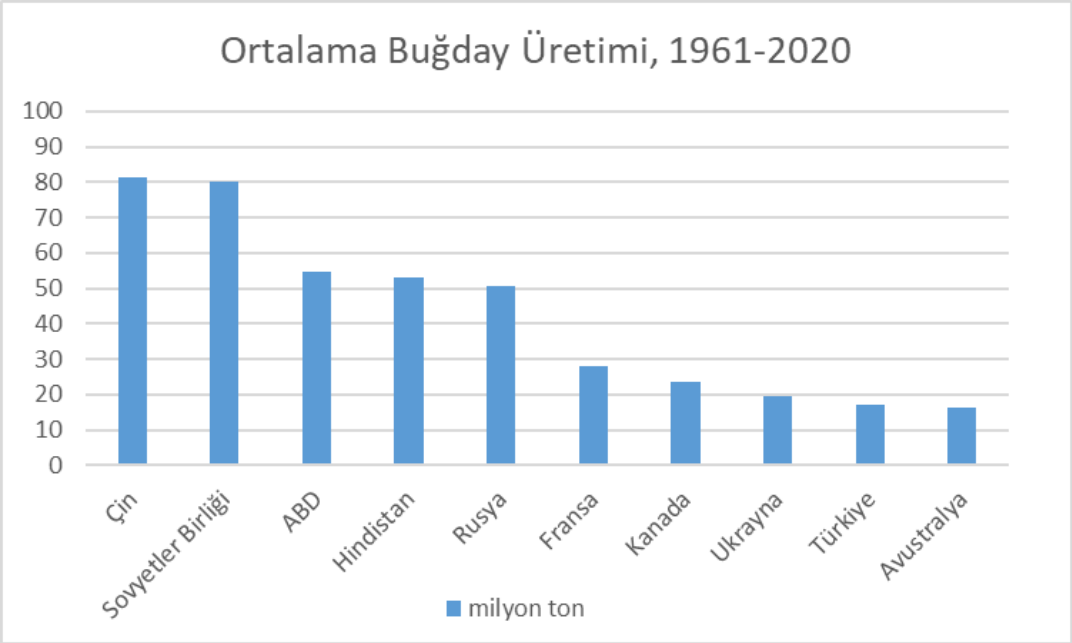
ton/ha verim değerine ulaşarak, yaklaşık %325 artış gerçekleşmiştir (Şekil 2.8) (FAO, 2020).



Şekil 2.5 1961-2020 yılları arasında Dünya buğday ve toplam tahıl hasat alanı (FAO, 2020)

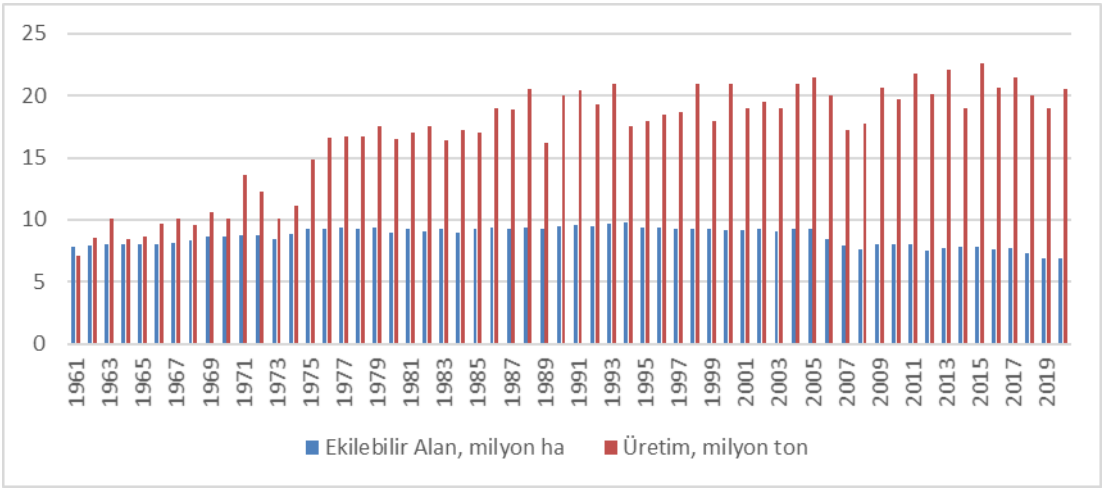


Şekil 2.6 1961-2020 yılları arasında Dünya Buğday üretimi ve hasat alanı (FAO, 2020)



Şekil 2.7 1961-2020 yılları arasında Dünya ortalama buğday üretimi (FAO, 2020)

Ülkemizde buğday üretim verimi, 1961-2020 yılları arasında Dünya ortalamasının üzerinde artmış olsa da, hala 2020 yılı Dünya ortalama verimi olan 3,47 ton/ha'ın gerisindedir (Şekil 2.9) (FAO, 2020). Bu nedenle Dünya buğday üretim sıralamasındaki yerimiz her geçen yıl gerilemektedir (Şekil 2.10) (FAO, 2020).



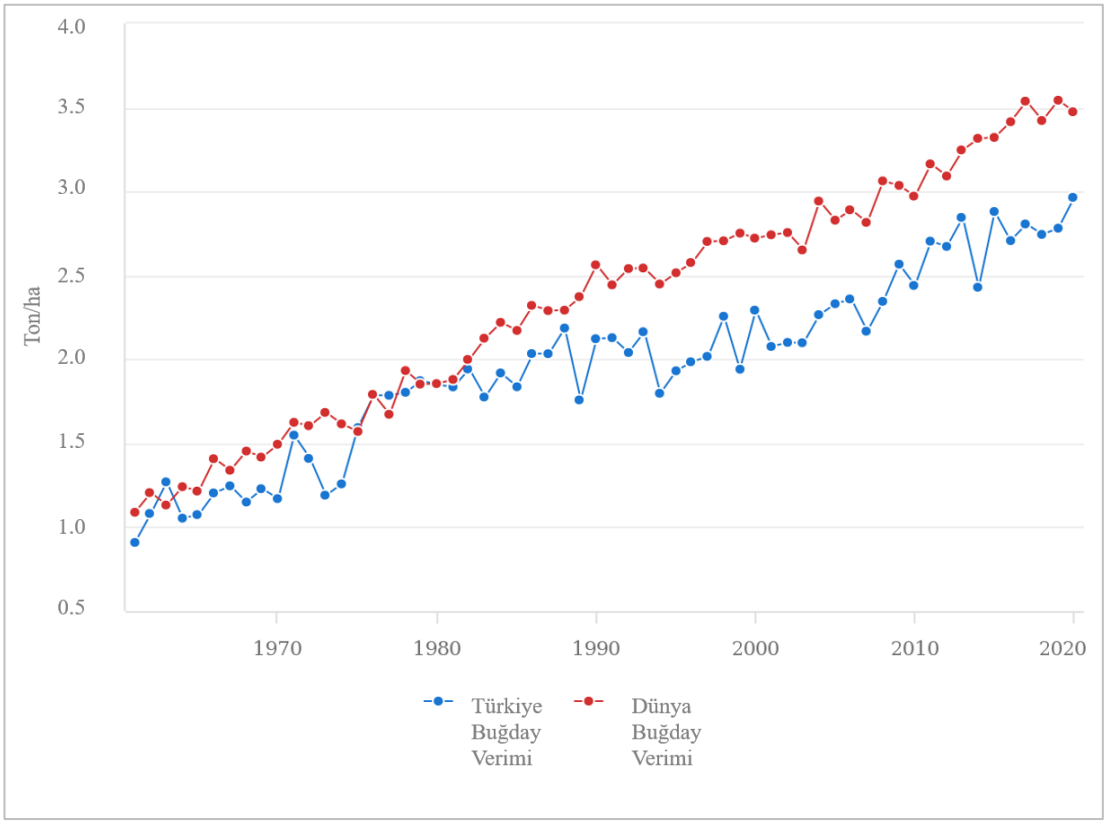
Şekil 2.8 1961-2020 yılları arasında Türkiye buğday üretimi (FAO, 2020)

2.1.4 Kullanım Alanları ve Besinsel Değeri

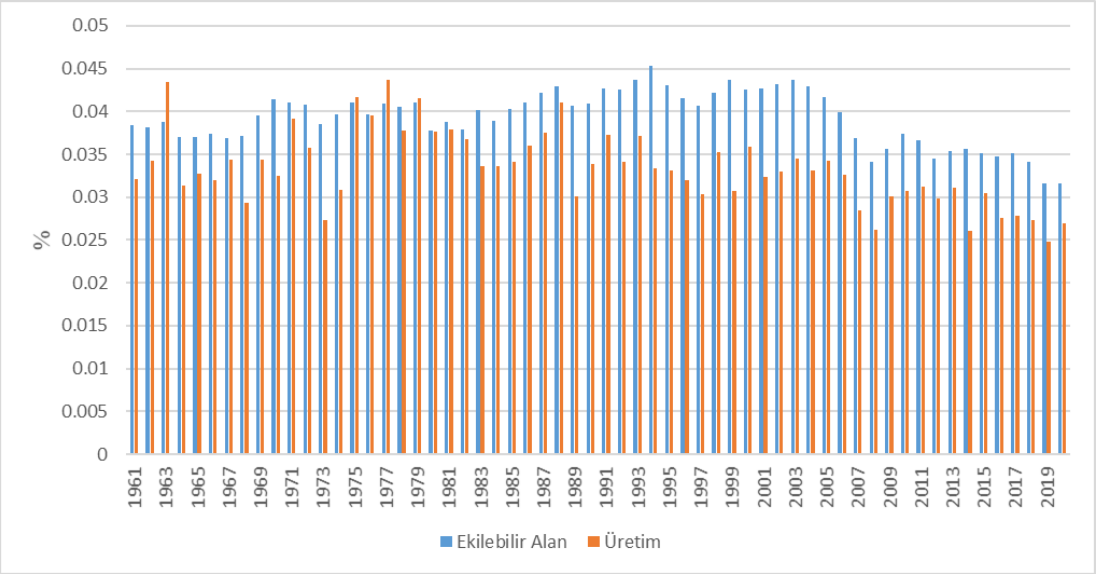
Buğdayın çeşitli biçimlerde besin olarak insanlar tarafından tüketilmesinin yanında, samanının hayvancılıkta yem olarak; sıva (Akan vd., 2008; Koçyiğit ve Özhatay,

2009) ve tezek (Akan vd., 2008) yapımında; insanlarda ağrı kesici (Kültür, 2007), siğil (Ertuğ, 2000), kansızlık, kabızlık (Öztürk ve Dinç, 2005), kas ağrısı ve romatizma (Marc vd., 2008) tedavisine yönelik; yine hayvanlarda bağırsak, mide, cilt hastalıkları, yara (Viegi vd., 2003) ve enfeksiyon (Bonet ve Vallès, 2007) tedavisinde kullanıldığı rapor edilmiştir.

Buğdayın tarımın başlangıcından itibaren insanlığın yaşamında yer alması beslenme davranışlarına da yansımış ve Dünya genelinde insanların günlük kalori ve protein ihtiyacının yaklaşık %20'sini sağlamaktadır (Shiferaw vd., 2013). Diğer tahıllardan, mısır üretim miktarı olarak buğdaydan fazla olmasına rağmen insan günlük kalori ihtiyacının %5'ini ve protein ihtiyacının %4'ünü; pirinç ise günlük kalorinin %19'u ve protein ihityacının %13'ünü karşılamaktadır (Shiferaw vd., 2013). Buna göre buğday, tüm tahıllardan karşılanan günlük toplam kalorinin %41'i ve proteinin %50'sini tek başına sağlamaktadır (Şekil 2.11) (Shiferaw vd., 2013).



Şekil 2.9 1961-2020 yılları arasında Dünya ve Türkiye buğday verimi (FAO, 2020)

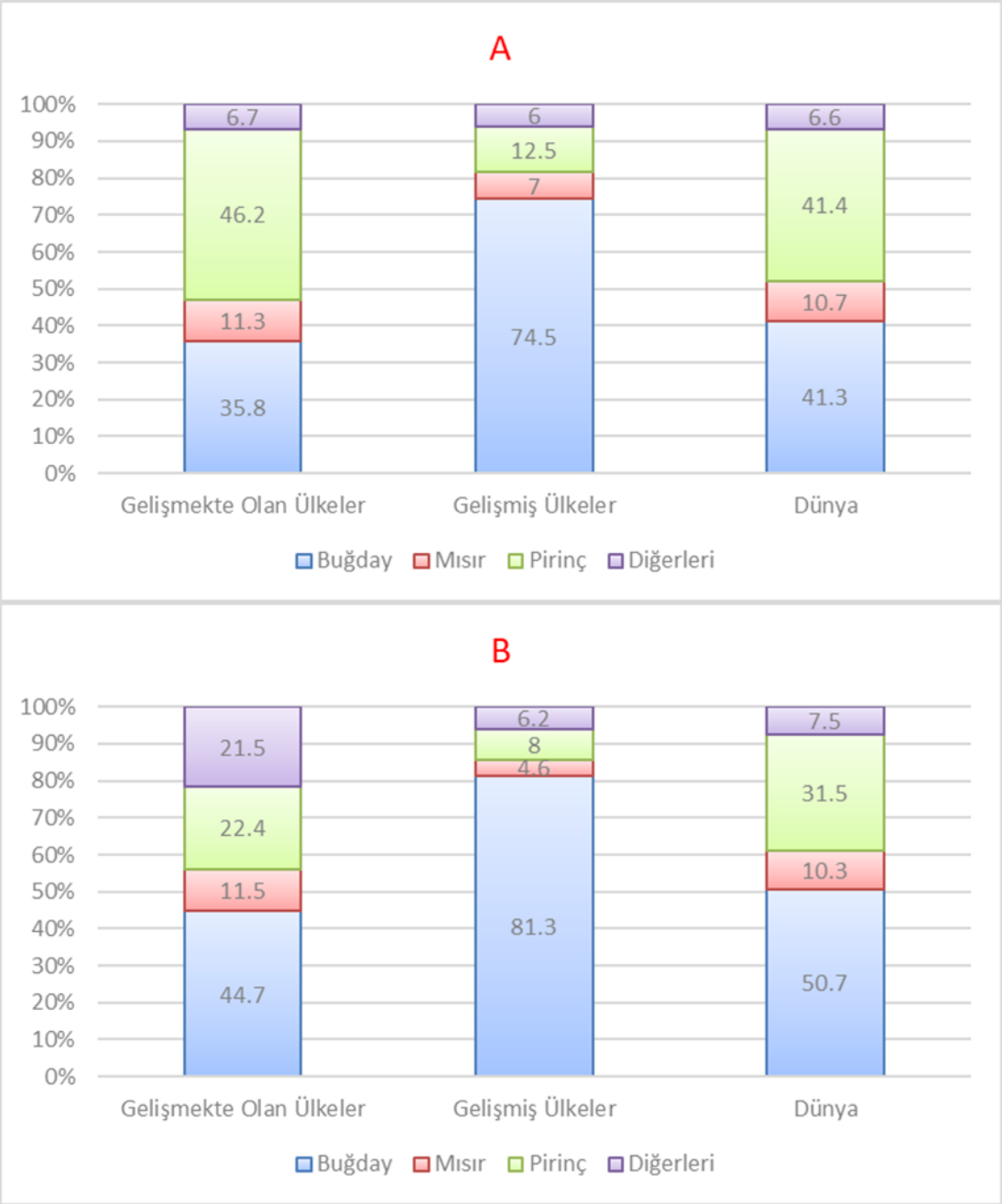


Şekil 2.10 1961-2020 yılları arasında Türkiye'nin Dünya buğday üretimindeki payı (FAO, 2020)

Buğday genel olarak karbonhidrat, dolayısı ile enerji kaynağı olarak bilinmektedir. İnsanların günlük kalori ihtiyacının beşte birini sağlayan bir besin maddesi için böyle düşünülmesi normaldir. Ancak, buğday karbonhidrat içeriğinin yanında; protein, lif, potasyum, sodyum, B grubu vitaminler (B1-Tiamin, B2-Riboflavin, B3-niasin, B5-pantotenik asit, B6-pridoksin, B9-folat), E vitamini, demir, çinko, magnezyum, fosfor selenyum, bakır, manganez, kalsiyum, fitokimyasallar (lignanlar, fenolik asitler, fitik asit, sterol, saponinler) gibi önemli miktarda besin öğesi de barındırmaktadır (Shewry ve Hey, 2015). Birleşik Krallık'ta yürütülen "Ulusal Beslenme ve Besin Araştırması"'na göre 19-64 yaş aralığındaki yetişkinlerin ekmekten aldıkları besin öğelerinin, günlük ihtiyaçlarının ne kadarını karşıladığına dair veriler Tablo 2.1'de gösterilmiştir (Shewry ve Hey, 2015).

Tablo 2.3 Ekmekten sağlanan besinsel öğelerin günlük ihtiyacı karşılama oranı (%) (Shewry ve Hey, 2015)

	Enerji	Protein	Karbonhidrat	Lif	Tiamin (B1)	Riboflavin (B2)	Niasin (B3)	Vitamin B6	Folatlar (B9)	Demir	Kalsiyum	Magnezyum	Sodyum	Çinko	Bakır	Selenyum
Erkek	12	11	21	21	16	5	11	5	12	16	19	13	19	12	15	13
Kadın	10	11	18	18	15	4	10	4	12	15	15	13	18	12	14	12



Şekil 2.11 Tahıllardan elde edilen günlük kalori (A) ve protein (B) ihtiyacını karşılama oranı (Shiferaw vd., 2013)

2.2 Bitkilerdeki Kuraklık Stresi

İnsan beslenmesi için yetiştirilen bitkilerin yani ekinlerin büyümesini, gelişmesini ve üretkenliğini çeşitli çevresel stresler etkilemektedir (Farooq vd., 2009a, 2009b; Farooq vd., 2011; Seki vd., 2003). Bunların arasından kuraklık stresi mahsul verimliliğini diğer çevresel streslere göre daha fazla düşüren ve en yıkıcı etki gösteren çevresel strestir (Lambers vd., 2008). Kuraklık, tahılların büyüme hızında ve biyokütle

birikiminde önemli düşüşlere neden olarak bitki büyüme ve gelişimini ciddi derecede etkilemektedir. Mahsul bitkilerinde kuraklığın başlıca sonuçları, hücre bölünmesi ve genişleme hızının azalması, yaprak boyutu, gövde uzaması ve kök çoğalması ve bozulmuş stomatosilasyonlar, azalan mahsul verimliliği ile bitki su ve besin ilişkileri ve su kullanım verimliliğidir (Farooq vd., 2009a; Li vd., 2009). İklim modelleri, devam eden küresel iklim değişikliği senaryoları altında artan kuraklık şiddeti ve sıklığına işaret etmektedir (Walter vd., 2011).

Lewitt (Levitt, 1980) tarafından ortaya koyulan hipoteze göre, kuraklığa karşı genel bitki tepkileri üçe ayrılır: (1) kuraklıktan kaçış, yıl boyunca düzenli kuraklık dönemlerinde hayatta kalmak için tohumlar gibi metabolik olarak aktif olmayan durumda bu dönemleri geçirmek; kuraklıktan kaçış genellikle tahıllarda erken bir canlılıkla ilişkilendirilir; (2) kuraklıktan kaçınma, yani çevresel kuraklık stresi altında yeterli hücresel hidrasyonu sürdürmeyi amaçlayan mekanizmalar dahil olmak üzere kuraklığa karşı dirençli aktif mekanizmalar; ve (3) kuraklık toleransı, yani hücre metabolizmasının azaltılmış hücre içi su içeriğine (hücresel dehidrasyon) ayarlanmasını amaçlayan aktif mekanizmalar.

Kuraklığın bitkiler üzerindeki yıkıcı etkisi gelişimin her aşamasında görülmektedir. Ancak stresin şiddeti ve gelişimin hangi aşamasında maruz kaldığına bağlı olarak bu etkiler değişmektedir (Farooq vd., 2012). Kuraklığın bitkiler üzerindeki etkileri; büyüme ve verimlilik, bitki-su ilişkileri, mineral alımı ve kullanımı, fotosentez üzerindeki etkileri olarak sınıflandırılabilir.

Gelişimin erken dönemlerinde bitkiler için uygun şartların sağlanması, en yüksek verimin elde edilebilmesi için gereklidir. Diğer yandan ekinler erken dönemde kuraklığa maruz kalmaları durumunda, bu durum mahsul veriminde düşüşe neden olan en önemli etkendir. Erken dönem kuraklığının, çimlenmenin şişme (imbibition) fazında su alımındaki, enerji tedariğindeki ve enzim aktivitesindeki azalma nedenleriyle çimlenmeyi ciddi oranda düşürdüğü rapor edilmiştir (Okcu vd., 2005). Kuraklık, erken dönem gelişim üzerindeki etkilerin yanı sıra; turgor kaybı, enerji sağlanmasında düşüş ve enzim aktivitesini bozarak hücre bölünmesi ve büyümesi üzerinde negatif etkisiyle; bitkinin hacim, ağırlık ve boyut olarak gelişmesini de

etkilemektedir (Kiani vd., 2007). Yapılan bir çalışmada, kuraklığın ayçiçeğinde (*Heliantus annuus* L.) turgor kaybı nedeniyle hücre bölünmesi ve büyümesi oranlarında azalmaya neden olarak, büyüme ve verimde düşüşe sebep olduğu gösterilmiştir (Kiani vd., 2007). Bir başka çalışmada, kuraklığın kadifeçiçeği (*Tagetes erecta* L.) bitkisinde kuru madde miktarında azalmaya neden olduğu rapor edilmiştir (Asrar ve Elhindi, 2011). Bunların dışında, kuraklığın turgor kaybı nedeniyle yaprak alanında ve sayısında azalmaya neden olduğu bildirilmiştir (Farooq vd., 2010).

Kuraklığın bitkilerde; nispi su muhtevası, yaprak su potansiyeli, ozmotik potansiyel, basınç potansiyeli ve buharlaşma oranını önemli derecede etkilediği gösterilmiştir (Kirkham, 2014). Örneğin bir çalışmada, kuraklığın domates (*Solanum lycopersicum* L.) ve gebre otunda (*Capparis spinosa* L.) nispi su muhtevasını azalttığı saptanmıştır (Subramanian vd., 2006). Bir başka çalışmada, soya fasulyesinin kök, yaprak ve tohum kabuğunda su potansiyelini önemli ölçüde düştüğü görülmüştür (Liu vd., 2004). Ekmeklik buğday ve pirinçte yaprak sıcaklığında artış gözlenmiş olup, sebebinin kuraklık koşullarında azalan buharlaşma oranına bağlı olduğu ortaya çıkarılmıştır (Siddique vd., 2001).

Bitkilerin büyümesi ve biyokütle üretimi için besin öğeleri gerekli olup, bu öğelerin çözünebilmesi ve taşınmaları için suya ihtiyaç vardır (Singh ve Singh, 2004). Kuraklık koşullarında ekinlerin büyümesinde sınırlı besin alımı gözlenir. Yapılan bir çalışmada, kuraklık stresinde domates fidelerinin kök ve sürgün dokularında nitrojen (N) ve fosfor (P) içeriğinin azaldığı bildirilmiştir (Subramanian vd., 2006). Benzer başka bir çalışmada kuraklık koşullarında pamuk bitkisinin azot (N) ve potasyum (K) alımının azaldığı rapor edilmiştir (McWilliams, 2003). Kadifeçiçeğinde kuraklık sonucunda fosfor içeriğinde ciddi miktarda düşüş gözlenmiştir (Asrar ve Elhindi, 2011).

Fotosentez bitkilerin büyümesi ve üretkenliği için hayatidir. Fotosentez olayı, kuraklığa karşı çok hassas olup, bitkinin fotosentez kapasitesini direk olarak etkilemektedir. Kuraklık koşullarında, yaprak büyüklüğü ve sayısındaki azalış bunun yanında stomaların kapanması fotosentez oranında düşüşe neden olur (Yamane vd., 2003). Bir çalışmada fasulye (*Phaseolus vulgaris L.*) bitkisinde kuraklığa bağlı stoma

geçirgenliğindeki azalış sebebiyle fotosentez ve buharlaşma oranının düştüğü rapor edilmiştir (Miyashita vd., 2005).

2.2.1 Kuraklık Stresinin Moleküler Mekanizması

Kuraklık stresine karşı bitki toleransı, hücresel içdengeyi (homeostasis) eski haline döndürmek ve bitkinin hayatta kalmasını sağlamak için, karmaşık çok bileşenli sinyal yolakları ile düzenlenmektedir (Golldack vd., 2014). Bunların arasında; hormonal (ABA, Etilen, strigolaktone), lipid, reaktif oksijen türevleri (ROS) ve sükroz fermante etmeyen 1 ilişkili protein kinaz 2 (SnRK2) ve mitojenle etkinleşen protein kinaz (MAPK) sinyal yolaklakları yer almaktadır (Golldack vd., 2014).

Bir fitohormon olan absisik asit (ABA), bitkilerde kuraklığa karşı verilen cevap ve kuraklık toleransı mekanizmalarında, stres-cevabı genlerini aktive ederek, stoma geçirgenliğini düzenleyerek ve büyüme inhibitörü olarak önemli rol oynamaktadır (Cutler vd., 2010; Osakabe vd., 2014; Xiong, 2007). Transgenik *Arabidopsis*'te yapılan bir çalışmada, ABA biyosentezinden sorumlu olan *AtNCED3* (9-cisepoxy-carotenoid dioxygenase) geninin yüksek ifadesi sonrası içsel ABA miktarındaki artış, kuraklık ve ABA tarafından uyarılan genlerin ifadesinde artışa neden olmuş ve yapraklarda meydana gelen terlemede düşüşün yanında bitkinin kuraklık toleransını arttırdığı gösterilmiştir (Iuchi vd., 2001). ABA'nın karbonhidrat ve lipid metabolizmalarında yer alan genlerin ifade seviyelerinde değişimi tetiklediği ve bitkinin strese cevap oluşturmasında farklı metabolik yolakları uyarmada arayüz olarak fonksiyon gösterdiği rapor edilmiştir (Hey vd., 2010).

ABA sinyalinin hücrede 3 farklı lokasyonda bulunan reseptörler tarafından algılandığı tespit edilmiştir. Bunlar; nükleositoplazmik reseptörler olan PYR (Pyrabactin resistance), PYL (Pyrabactin resistance like) ve RCARs (Regulatory component of ABA receptors) (Ma vd., 2009; Park vd., 2009); plazma membranında yer alan GTG1/GTG2 (G protein-coupled receptor-type G protein) (Pandey vd., 2009) ve kloroplastta yer alan CHLH/ABAR (H subunit of Mg-chelatase) (Du vd., 2012) reseptörleridir. ABA, bu reseptörlere bağlandığında ABA-bağımlı sinyal yolağı üzerinden kuraklığa cevap oluşmaktadır. Örneğin; ABA nükleositoplazmik

reseptörlere bağlanarak PP2Cs (type 2C protein phosphatases) enzimini inhibe etmektedir (Ma vd., 2009; Raghavendra vd., 2010). PP2Cs'nin inhibisyonu, SnRK2 (sucrose nonfermenting 1-related protein kinase 2)'nin aktifleşerek birikimine yol açmaktadır (Ma vd., 2009; Raghavendra vd., 2010). SnRK2 ise ABA tarafından regüle edilen genlerin ABRE (ABA-responsive cis element) bölgelerine bağlanarak, bZIP transkripsiyon faktör ailesi üyesi olan ve ABA'ya yanıt olarak ifade edilen AREB (ABA-responsive element binding protein) ve ABF (ABRE-binding factor) transkripsiyon faktörlerini regüle etmektedir (Yamaguchi-Shinozaki ve Shinozaki, 2006). ABA-bağımlı sinyal yolağı aracılığıyla indüklenen diğer transkripsiyon faktörleri ise MYC, MYB (Abe vd., 2003) ve NAC (RD26) (Fujita vd., 2004)'dır. Bu transkripsiyon faktörleri de yine kuraklığa yanıt olarak ifade edilen genlerin regülasyonunda yer almaktadırlar.

Kuraklıkla tetiklenen genlerin ifadeleri, ABA-bağımlı sinyal yolağının yanında ABA-bağımsız sinyal yolağı aracılığı ile de düzenlenmektedir (Chaves vd., 2003; Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki, 2007). Örneğin; ABA-bağımsız olarak düzenlenen DREB1/CBF ve DREB2 transkripsiyon faktörleri, kuraklıkla indüklenen genlerin DRE/CRT (dehydration-responsive element/C-Repeat) bölgelerine bağlanarak kuraklık tolerans genlerinin ifadelerini tetiklemektedir (Liu vd., 1998; Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki, 2007; Yamaguchi-Shinozaki ve Shinozaki, 2005). Diğer bir çalışmada ise, kuraklıkla ilişkili *ERD*1 geninin, ABA-bağımsız sinyal yolağıyla düzenlenen NAC transkripsiyon faktörü tarafından kontrol edildiği gösterilmiştir (Baloglu vd., 2012; Eroglu vd., 2016; Simpson vd., 2003; Tran vd., 2004).

ABA-bağımlı/bağımsız sinyal yolakları dışında, *Arabidopsis*'i konu eden bir çalışmada, biyosentezi Max (more axillary growth) gen ailesi tarafından kontrol edilen strigolaktone hormonunun tetiklediği sinyal yolağının, kuraklık stres cevabı ve toleransını pozitif olarak düzenlediği ortaya konulmuştur (Ha vd., 2014). Ayrıca, aynı çalışmada strigolaktone ve ABA sinyal yolaklarının etkileşime girerek, stoma gelişimi ve fonksiyonu için entegre bir stres sinyali oluşturdukları gösterilmiştir (Ha vd., 2014).

Bazı çalışmalar, ROS (Reactive Oxygen Species) sinyal yolağının, bitkilerde stres sinyaline bağlı olarak gelişen kuraklık adaptasyonunda, metabolizma ve hücresel

enerji dengesini düzenleyerek bir sinyal arayüzü olarak işlev gösterdiğini saptamıştır (Apel ve Hirt, 2004; Golldack vd., 2014). ROS aracılığında, WRKY transkripsiyon faktör ailesi üyelerinin ozmotik ve oksidatif stres savunması sinyalleri arasında bağlantı sağladığı düşünülmektedir (Golldack vd., 2014).

Lipid sinyallerinin, abiyotik stresin ilk anda algılanmasında rol oynayarak, hücresel hormonal yolakları tetiklediği ve düzenlediği (Golldack vd., 2014), böylece kuraklık ve tuzluluk stresine cevapta, karmaşık düzenleyici ağın ayrılmaz bir parçası olduğu belirtilmektedir (Munnik ve Testerink, 2009; Ruelland vd., 2015). Lipidlerin modifikasyonu, fosfatidik asit (PA), diaçilgliserol-pirofosfat (DAG-PP) ve fosfoinosititler gibi farklı sinyal habercileri üretir (Boss vd., 2008). Bitkilerin çevresel streslere verdiği yanıtta önemli bir lipid haberci olan PA üretiminin, fosfolipaz D (PLD) tarafından düzenlendiği bildirilmiştir (Hong vd., 2010). Bitkilerde PLD aktivitesinin; dehidrasyon, kuraklık ve tuzluluk gibi abiyotik stresler sonucunda artış gösterdiği ortaya çıkarılmıştır (Hong vd., 2010). Bunun yanında başka çalışmalarda PA ve PLD'nin tuz ve kuraklık stresinde önemli rol aynadıkları rapor edilmiştir (Bargmann vd., 2009; Golldack vd., 2014; Hong vd., 2010; Lu vd., 2013; Zhang vd., 2004).

Bu yolakların haricinde, SnRK2 (sucrose nonfermenting 1-related protein kinase 2) ve MAPK (mitogen-activatedprotein kinase) sinyal yolaklarının da, kuraklık stresine karşı verilen yanıtları tetikledikleri bilinmektedir. Bu yolakların düzenlenmesinde ajan olarak; stomaların (Golldack vd., 2014; Ligterink ve Hirt, 2001); glukoz, sükroz ve fruktoz gibi çözünür şekerlerin (Chaves ve Oliveira, 2004); fotosentetik elektron bileşenlerinin ve redoks aktif moleküllerin (Foyer ve Noctor, 2003) oluşturduğu sinyallerin rol oynadığı düşünülmektedir.

Kuraklık stresinin bitki tarafından algılanması sonrasında, kuraklıktan kaçınmak veya tolerans göstermek üzere çok sayıda genin ifadesi değişmektedir. Buğday'da yapılan bir mikroaaray çalışmasında, 60.000 gen arasından 12.895 tanesinin soğuk ve sıcaklık stresi altında ifade seviyelerinin değiştiği gözlemlenmiştir (Baloğlu, 2011). Diğer bir mikroarray çalışmasında, 1.700 gen arasından 600 tanesinin ifadesi, kuraklık stresi altında 2 kat ve üzerinde artmıştır (Catala vd., 2007). Yapılan bir başka mikroarray

çalışmasına göre, 7.000 bağımsız *Arabidopsis* cDNA geni arasından 299 tanesinin kuraklık sonucunda indüklendiği belirlenmiştir (Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki, 2007). Bu genlerin ürünü olan proteinler ise "fonksiyonel" ve "düzenleyici" proteinler olarak 2 grup altında sınıflandırılmaktadırlar. Birinci grupta yer alan yani fonksiyonel proteinler bitkinin stres toleransını sağlamaktadırlar. Bu grup proteinler; LEA (late embryogenesis abundant) protein ailesi üyeleri, şaperonlar, dehidrinler, detoksifikasyon enzimleri, ozmolitlerin biyosentezinde yer alan enzimler, su kanalı proteinleri, prolin ve şeker taşıyıcı proteinler, mRNA bağlayıcı proteinler, ozmotin ve çeşitli proteazları içermektedir (Shinozaki vd., 2003; Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki, 2007). İkinci grup yani düzenleyici proteinler ise; bZIP (basic leucine zipper domain), DREB (DRE-binding protein), MYC, AREB, NAC ve MYB gibi transkripsiyon faktör ailesi üyeleri; lipid metabolizması; protein kinazlar, ABA biyosentezi ve fosfatazları içermektedir (Shinozaki vd., 2003; Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki, 2007). Yapılan bir çalışmada bitki genomlarında yer alan genlerin yaklaşık %6-10 kadarının transkripsiyon faktörlerini kodladığı rapor edilmiştir (Franco-Zorrilla vd., 2014).

Transgenik bitkilerle yapılan çalışmalar, kuraklık stresine toleransta rolü oynayan genlerin ortaya çıkarılmasında önemli katkılar sağlamıştır. Transgenik soya ile yapılan bir çalışmada, *AtP5CR* geni ürünü olan L-Δ1-Pirolin-5-karboksilat redüktaz üretimi sonucunda, bitkinin daha yüksek bağıl su içerdiği ve kuraklık toleransının arttığı gösterilmiştir (de Ronde vd., 2004). Bir başka çalışmada, rafinoz oligosakkarit biyosentezinde önemli bir rolü olan galaktinol sentaz enzimini kodlayan *Go1S* geninin transgenik *Arabidopsis*'te ifadesinin, bitkinin kuraklık tolerasını yükselttiği rapor edilmiştir (Taji vd., 2002). Yine transgenik çeltik bitkisinde, stresle uyarılan *OsDh1* (dehidrin) geninin aşırı ifadesi kuraklığa karşı toleransı arttırmıştır (Kumar vd., 2014). Transgenik tütün bitkisinde (*Nicotiana tabacum* L.) yapılan iki ayrı çalışmada, kuraklık stresi çalışmalarında sıkça kullanılan PEG (polietilen glikol) uygulaması altında, sitozolik Cu/Zn-süperoksit dismutaz (*SOD*) ve monodehidroaskorbat redüktaz (*MDAR*) geninin aşırı ifadesinin bitkinin kuraklığa toleransını yükselttiği gözlemlenmiştir (Badawi vd., 2004; Eltayeb vd., 2007).

Transgenik çalışmalar, fonksiyonel proteinlerin oynadıkları rolün yanında, düzenleyici proteinlerin kuraklık stresinde sahip oldukları görevleri de ortaya koymuştur. ABA biyosentezinde görev alan 9-cis-epoksikaretenoid dioksijenaz enzimini kodlayan *AtNCED3* geninin aşırı ifadesinin, transgenik *Arabidopsis*'te ABA biyosentezinde artışa sebep olarak, ABA ve kuraklıkla uyarılan genlerin ifadesini arttırdığı ve kuraklık toleransını yükselttiği saptanmıştır (Iuchi vd., 2001). Yine transgenik *Arabidopsis*'te, DREB1/CBF transkripsiyon faktörünün ifadesindeki artış, kuraklık toleransında gelişmeyi de beraberinde getirmiştir (Liu vd., 1998). ABF3 ve AREB/ABF4 transkripsiyon faktörlerinin, transgenik *Arabidopsis*'te kuraklık toleransını arttırmıştır (Kang vd., 2002). Transgenik çeltikte, AP37 transkripsiyon faktörünün kuraklığa toleransı yükselttiği gösterilmiştir (Oh vd., 2009).

Kuraklık toleransı kompleks bir mekanizmadır. Transkripsiyon faktörleri gibi gen düzenleyici proteinler bu mekanizma içinde hayati öneme sahiptir. Bunun yanında son yıllarda yapılan çalışmalar kuraklık toleransında mikroRNA (miRNA)'ların merkezi görevler üstlendiğini göstermektedir (Floris vd., 2009; Liu vd., 2012; Sunkar vd., 2006). miRNA'lar, 20-24 nükleotid uzunluğunda, küçük, tek zincirli, kodlanmayan RNA molekülleridir. Transkripsiyon faktörlerinden farklı olarak gen düzenlenmesini sadece transktipsiyon aşamasında değil translasyon ve posttranslasyonel seviyelerde de sağlamaktadırlar. miRNA'lar ilk defa 1993 yılında *C. elegans*'ta (Lee vd., 1993) keşfedildikten yaklaşık 10 yıl sonra 2002 yılında bitkilerde ilk olarak *Arabidopsis*'te keşfedilmişlerdir (Reinhart vd., 2002).

Bugüne kadar çok sayıda miRNA'nın kuraklık koşulları altında ifadesinde değişim olduğu ve bazı kuraklıkla uyarılan genlerin ifadesini düzenlediği saptanmıştır. Kuraklıkla ilgili miRNA'lar birçok bitki türünde ortaya çıkarılmıştır. Bunlardan bazıları: *Arabidopsis thaliana* (Liu vd., 2008; Li vd., 2008; Sunkar ve Zhu, 2004), *Brachypodium distachyon* (Budak ve Akpinar, 2011), *Camellia sinensis* (çay) (Guo vd., 2017), *Cicer arietinum* (nohut) (Hajyzadeh vd., 2015), *Malus pumila* (elma) (Niu vd., 2019), *Oryza sativa* (çeltik) (Cheah vd., 2015; Zhao vd., 2007; Zhou vd., 2010), *Phaseolus vulgaris* (fasulye) (Arenas-Huertero vd., 2009), *Hordeum vulgare* (arpa) (Fard vd., 2017; Kantar vd., 2010; Zare vd., 2019), *Solanum lycopersicum* (domates) (Candar-Cakir vd., 2016; Zhou vd., 2016, 2020), *Zea mays* (mısır) (Li vd., 2013; Wei

vd., 2009), *Glycine max* (soya) (Kulcheski vd., 2011; Li vd., 2011; Zheng vd., 2016), *Saccharum officinarum* (şeker kamışı) (Gentile vd., 2015), *Vigna unguiculata* (börülce) (Barrera-Figueroa vd., 2011) ve Triticeae (buğdaygiller) (Akdogan vd., 2016; Alptekin vd., 2017; Giusti vd., 2017; Kantar vd., 2011; Ma vd., 2015a; Pandey vd., 2014)'dir.

Kuraklığa karşı miRNA cevabı, uygulamanın yöntemi, doku, genotip ve gelişim aşaması gibi etmenlerden etkilendiğinden oldukça karışık bir süreçtir (Ferdous vd., 2015). Örneğin; *Arabidopsis*'te miR156, -159, -167, -168, -171, -172, -319, -393, -397 ve -408'in ifadesi kuraklık stresi altında artarken, miR169, -170 ve -417 azalmaktadır (Ferdous vd., 2015). Benzer şekilde; çeltik'te miR164c, -319b ve -1861d'nin ifadesi artarken, miR166h, -172d ve -408 ise azalmaktadır (Zhang vd., 2016). Ayrıca, aynı miRNA ailesi üyelerinin bazı bitki türlerinde kuraklık stresi altında farklı ifade edildiğini gösteren çalışmalar bulunmaktadır (Wang vd., 2011; Zhou vd., 2010). Hatta kuraklık cevabında, miRNA'ların farklı dokularda, organlarda ve gelişim düzeyinde farklı biçimde ifadesi, miRNA'ların ifadesinin zamana ve mekana bağlı olarak düzenlendiğini ortaya koymaktadır. Örneğin; çeltikte kuraklık koşulları altında miR169'un köklerde ifadesinin sürgünlere göre daha yüksek düzeyde olduğu gözlemlenmiştir (Ferdous vd., 2015). Aynı miRNA ailesine ait üyelerin, kuraklıktan aynı şekilde etkilenmedikleri de bilinmektedir. Mesela, kuraklık sonucunda *Arabidopsis*'te tanımlanmış 14 adet miR169 ailesi üyesinden ikisinin ifadesi azalırken (Li vd., 2008), aynı ailenin çeltikte tanımlanmış 17 üyesinden ise sadece birinin ifadesi artmıştır (Zhao vd., 2007). Ancak her iki türde de diğer aile üyelerinin ifade seviyelerinde değişim gözlenmemiştir (Li vd., 2008; Zhao vd., 2007).

qRT-PZR, 5' RACE ve degradom kütüphaneleri gibi metodlar kullanılarak yapılan çalışmalar neticesinde, kuraklık sonucu uyarılan miRNA'ların hedeflediği birçok gen açığa çıkarılmıştır. Bu genlerin genellikle transkripsiyon faktörleri olup, ayrıca bu genlerin sonrasında miRNA'ların ifadesini düzenlediği saptanmıştır (Hackenberg vd., 2012). Örneğin, Squamoz promotor bağlanma proteini (SBP veya SPL) bunlardan biridir ve miR156 tarafından hedeflendiği ortaya çıkarılmıştır (Xie vd., 2006). *Arabidopsis*'te miR156 tarafından hedeflenen *SPL2, -3, -4, -5, -6, -9, -10, -11, -13* ve *-15* genleri arasından SPL9'un miR172 promotoruna bağlanarak miR172'nin ifadesini

pozitif olarak düzenlediği belirlenmiştir (Stief vd., 2014). miR172, AP2 ve AP2 benzeri transkripsiyon faktörlerini hedeflemektedir (Aukerman ve Sakai, 2003; Chen, 2004; Chuck vd., 2007). AP2 çiçek organına özgüdür (Bowman vd., 1991; Drews vd., 1991), diğer yandan AP2 benzeri genler ise genel olarak çiçeklenmeyi baskılamada rol oynarlar ve *Arabidopsis*'te AP2 benzeri genlerin aşırı ifadesi geç çiçeklenmeye sebep olurken, bu genlerin kaybı ise erken çiçeklenmeyi teşvik etmektedir (Aukerman ve Sakai, 2003; Jung vd., 2007; Mathieu vd., 2009; Schmid vd., 2003). Erken çiçeklenme ise bir kuraklıktan kaçış mekanizması olarak kabul edilir (Han vd., 2013), bu nedenle miR172'nin kuraklık rolü olduğu beklenir.

Bir başka miRNA, miR159 MYB transkripsiyon faktör ailesi üyelerini hedeflemektedir. MYB transkripsiyon faktör ailesi üyeleri, tüm ökaryotlarda bulunur ve bitkilerde gelişmeyi, metabolizmayı, biyotik ve abiyotik streslere tepkileri kontrol eden düzenleyici ağlarda kilit rol oynarlar. Arabidopsis'te MYB ailesine üye olan *MYB33* ve *MYB101* genleri ABA bağlantılı çimlenmeyi düzenlemektedir (Reyes ve Chua, 2007). Stabil *MYB* genlerinin aşırı ifadesi çimlenme sırasında ABA'ya karşı aşırı hassasiyetle sonuçlanmaktadır (Reyes ve Chua, 2007). miR159a'nın aşırı ifadesi ise MYB33 ve MYB101 ifadesinde düşüşe neden olarak, tohumların ABA'ya karşı duyarsızlaştırmaktadır (Reyes ve Chua, 2007). ABA'nın çimlenmeyi teşvik edici rol oynadığı bilinmektedir (Rodríguez-Gacio vd., 2009). Bu nedenle, *MYB* genlerinin miR159 tarafından hedeflenerek ifadelerinin düşmesi, muhtemelen kuraklık stresi altında çimlenme sırasında hormon sinyalini ayarlamaktadır.

MYB genleri aynı zamanda, miR319 tarafından da hedeflenmektedir. Ancak, miR319, *MYB* gen ifadesini azaltmak yani *MYB* genini transkripsiyon aşamasında hedeflemek yerine bu genin ifadesini TCP (Translation complex profile) mRNA'yı hedefleyerek translasyon aşamasında düzenlemektedir (Palatnik vd., 2007). Başka bir çalışmada miR319'un NAC transkripsiyon faktör ailesi üyelerini de hedeflediği gösterilmiştir (Zhou vd., 2013). NAC proteinleri en geniş transkripsiyon faktör ailelerinden biridir (Riechmann vd., 2000), ve kuraklık gibi abiyotik streslere cevabı da içeren birçok süreçte önemli rol oynamaktadırlar (Zheng vd., 2009). *NAC* genlerinin aşırı ifadesinin kuraklık toleransını arttırdığı rapor edilmiştir (Hu vd., 2008; Nakashima vd., 2007; Tran vd., 2004; Xue vd., 2011; Zheng vd., 2009). Bununla beraber, bütün *NAC* genleri

kuraklık toleransını arttırmamaktadır. Örneğin, ATAF1 kuraklık toleransını negatif etkilerken (Lu vd., 2007), *GmNAC11*'in aşırı ifadesi kuraklığa karşı hassasiyeti arttırmaktadır (Hao vd., 2011). Bu nedenle, miR319'un kuraklık toleransına katkıda bulunup bulunmayacağı, hangi *NAC* geninin hedeflendiğine bağlıdır. Yakın zamanda yapılan bir çalışmada, osa-miR319a'nın aşırı ekspresyonunun, yaprak mumu içeriğini ve su tutulmasını arttırdığı gözlemlenmiştir (Zhou vd., 2013), ve buna göre miR319'un kuraklık toleransını arttırdığı söylenebilir.

Bir başka miRNA, miR408 ekspresyon seviyeleri kuraklık toleransı ile ilişkili olan, korunmuş plastosiyanin benzeri protein ailesini hedeflemektedir. Toleranslı çeltik çeşitlerinde hassas çeşitlere göre plastosiyanin benzeri gen ifade seviyesi azalırken, miR408 ters yönde ifade edildiği belirlenmiştir (Mutum vd., 2013). Bu bulgular, miR408'in kuraklık toleransı ile ilgili olduğunu göstermektedir.

Bunların dışında, miR393'ün çeltikte (osa-miR393) aşırı ifadesinin, kuraklık stresine karşı uyarlanabilir bir yanıt olan yatay kök çoğalmasını engellediği ve kardeşlenmeyi (tillering) arttırdığı gözlenmiştir (Xiong vd., 2006).

Mitojenle aktive olan protein kinaz (MAPK), miR168 tarafından hedef alınmaktadır. Bu protein kinaz, stres sinyallerini iletmek ve bitkilerin kuraklığa uyum sağlamasını sağlamak için önemli bir sinyal molekülüdür. Domateste, SpMPK1 and SpMPK2'nin susturulması, ABA ve hidrojen peroksit (H_2O_2) sinyallemesi aracılığıyla artış olan kuraklık toleransının, azalmasına neden olduğu ortaya çıkarılmıştır (Li vd., 2013).

Mısırda süperoksit dismutaz (SOD) ve peroksidaz (POD), miR528'in hedefleridir (Wei vd., 2015). Bu iki enzim, bitki stoma hareketinde ve antioksidan savunmasında önemli roller oynar. Kuraklık uygulanmış mısır yapraklarında, miR528'in ifadesinin azalmasının bir sonucu olarak ABA artışı nedeniyle SOD ve POD seviyelerinin arttığı belirlenmiştir (Wei vd., 2015).

Saçak kök oluşumunu pozitif olarak regüle eden *ARF* (Auxin response factor) genleri (Gutierrez vd., 2009), miR167 tarafından hedeflenmektedir (Wu vd., 2006; Yang vd., 2006). Kültüre edilen çeltik hücrelerinde miR167'nin aşırı ifadesinin, *ARF* gen ekspresyonunu ve kardeşlenme sayısını azalttığı gösterilmiştir (Yang vd., 2006).

Bunlara ek olarak; ifade seviyesinde artış olan miR169'un domateste (Zhang vd., 2011), miR394 (Ni vd., 2012), miR395 (Kim, vd., 2010a) ve miR402'nin (Kim, vd., 2010b) ise *Arabidopsis'*te kuraklık toleransını arttırdığı rapor edilmiştir.

2.2.2 Buğday'da Kuraklık Stresi

Kuraklık stresine tepki, birkaç aşamada (alarm, uyum sağlama, direnç, tükenme ve toparlanma aşamaları) sağlanan dinamik bir süreçtir (Levitt, 1980) ve her biri benzersiz transkriptom, proteom ve metabolom bileşimi ile karakterize edilebilir. Diğer bitkilerde olduğu gibi, buğdayda da kuraklık stresine tepki, çok sayıda gen tarafından kontrol edilen karmaşık, poligenik bir süreçtir ve bu nedenle moleküler ve fizyolojik mekanizmalarını anlamak zordur (Hu ve Xiong, 2014; Senapati vd., 2019). Yeni nesil dizileme yaklaşımlarını kullanan gen ve tüm genom dizileme projeleri sayesinde, kuraklık stresine uyumun altında yatan biyolojik süreçlerin karmaşıklığının incelemesine olanak sağlanmıştır. Bu yaklaşımlardan faydalanılarak, buğdayın kuraklık stresine karşı tepkisinin moleküler mekanizmasına ait çok sayıda çalışma literatüre kazandırılmıştır.

AP2/ERF ailesi transkripsiyon faktörleri, bitkilerde hem abiyotik hem de biyotik stres tepkilerinde aracı rol oynamaktadırlar (Licausi vd., 2013). *A. thaliana* model türüne dayalı olarak yapılan bir çalışmada, *T. aestivum*'da AP2/ERF transkripsiyon faktör ailesi üyeleri beş alt aileye sınıflandırılmıştır. Bunlar; 57 adet DREB (Dehydration-responsive element binding), 47 adet ERF (ethylene-responsive factor), 9 adet AP2 (APETALA2), 3 adet RAV (related to ABI3 and VP1) ve 1 adet Solist geninden oluşmaktadır (Zhuang vd., 2011).

Yapılan bir çalışmada, kuraklık stresi uygulanmış buğday (*Triticum aestivum* L.) cDNA kütüphanesinden izole edilen, *TaDREB1* geni, kuraklık ve diğer abiyotik stresler tarafından indüklenen DREB2 tipi bir transkripsiyon faktörüdür (Shen vd., 2003). Benzer şekilde, DREB ile ilgili bir gen olan *TdDRF1* ise makarnalık buğdaydan (*Triticum durum*) izole edilmiştir ve kuraklık toleransında rolü olmasıyla karakterize edilmiştir (Latini vd., 2007). Ayrıca transgenik buğdayda yapılan bazı çalışmalarda,

DREB transkripsiyon faktörlerinin kuraklık toleransını arttırdığı bildirilmiştir (Pellegrineschi vd., 2004; Pierre vd., 2012).

ERF genleri, bitkilerde stres yanıtı olarak ifade edilirler (Licausi vd., 2013). *TaERF3b*'ün buğdayda aşırı ekspresyonunun, kuraklığın yanı sıra tuzluluk toleransının da artmasına neden olduğu bildirilmiştir (Rong vd., 2014). Bir başka buğday *ERF* geni, *TaERF1*'in aşırı ekspresyonunun stresle ilgili genleri aktive ettiği ve transgenik bitkilerde kuraklık, soğuk ve tuz toleransını geliştirdiği gözlemlenmiştir (Xu vd., 2007).

Çinko Parmak Proteinlerinin (ZFPs), kuraklık stresi altında gen ekspresyonunun düzenlenmesi ile ilişkili olduğu bilinmektedir (Cheuk ve Houde, 2016; Huang vd., 2012; Luo vd., 2012). TaZFP22, TaZFP34 ve TaZFP46, buğdayda kök ekspresyonu ve kuraklığa bağlı Q-tipi C_2H_2 çinko parmak transkripsiyonel baskılayıcılardır (Cheuk ve Houde, 2016). TaZFP34'ün ısı, dehidrasyon, tuzluluk ve soğuk gibi çoklu abiyotik streslere yanıt olarak ifadesinin arttığı gösterilmiştir. Bu genin buğday köklerinde aşırı ifadesi, kök uzamasını korurken, sürgün büyümesini azaltarak kök:sürgün oranını arttırdığı rapor edilmiştir (Cheuk ve Houde, 2016).

WRKY transkripsiyon faktörü gen ailesi, buğday da dahil olmak üzere birçok bitki türünde abiyotik stres toleransındaki rolü nedeniyle kapsamlı bir şekilde incelenmiştir (Ding vd., 2016; He vd., 2016; Wu vd., 2017). WRKY transkripsiyon faktörlerinin kuraklık toleransında doğrudan rolü, kuraklık stresine tepki olarak protein seviyesindeki artışta açıkça görülmektedir (Tripathi vd., 2014). Kuraklığa dayanıklı ve duyarlı ekmeklik buğday çeşitlerinde, kuraklık uygulaması sonrası yaprak ve kök dokularında TaWRKY proteinlerinin ifade profilleri *in silico* yöntemlerle incelenmiş ve 10 *TaWKRY* genine ait 35 WRKY transkripti tespit edilmiştir (Okay vd., 2014). Belirlenen tüm TaWRKY transkriptlerinin ifade düzeyinin, kuraklığa dayanıklı buğday çeşitinin kök dokusunda kuraklık uygulamasıyla artış gösterdiği saptanmıştır (Okay vd., 2014). Bir başka çalışmada, buğday WRKY ailesi üyeleri, *TaWRKY44* ve *TaWRKY93*, kuraklık stresi altında kritik tepki faktörleri olarak tanımlanmıştır (Qin vd., 2015; Wang vd., 2015). Transgenik tütün bitkisiyle yapılan bir çalışma,

TaWRKY10 geninin aşırı ekspresyonunun bitkide kuraklık toleransını arttırdığını göstermiştir (Wang vd., 2013).

NAC ailesinin birkaç üyesi birçok bitki türünde tanımlanmıştır ve abiyotik ve biyotik stresler altında bitki tepkisinin düzenlenmesinde yer aldıkları bilinmektedir (Mao vd., 2012; Nuruzzaman vd., 2013). Biyoinformatik yöntemler aracılığıyla 2018 yılında yayınlanan buğday (*T. aestivum* cv. Chinese Spring) genomu üzerinde, 488 *NAC* geni tespit edilmiştir (Guérin vd., 2019). Buğday'da yapılan bir çalışmada, NAC-tipi transkripsiyon faktörleri olan *TaNAC69-1* ve *TtNAMB-2*'nin, kuraklık, soğuk, sıcaklık ve tuz stresi altında ifade profilleri incelenmiştir (Baloğlu vd., 2012) ve sonuç olarak *TaNAC69-1* geninin ifadesinin tüm stres koşullarında arttığı; *TtNAMB-2*'nin ifadesinin ise tuz ve soğuk stresi sonrasında artış gösterdiği rapor edilmiştir (Baloğlu vd., 2012). Yapılan bir başka çalışmada, buğdayda dört adet yüksek derecede homolog *NAC* geni (*TaNAC69*) tanımlanmıştır (Xue vd., 2006). Normal koşullar altında kök dokusunda *TaNAC69* geninin ifade edilmesi, bu genin köklerde hücresel aktivitelere dahil olduğunu göstermesine rağmen, *TaNAC69* genlerinin kuraklık koşulları altında yaprak ve köklerde aşırı ifade edildiği gözlemlenmiştir (Xue vd., 2006). Yapılan bir başka çalışma ise, kuraklık toleransı ile ilişkili olan bir *NAC* genini (*TaNAC071-A*) ortaya çıkarmıştır (Mao vd., 2022). *TaNAC071-A*'nın buğdayda baskılanması (knockdown) sonucu kuraklık toleransının zayıfladığı, aşırı ifadesinin ise geliştirilmiş su kullanım verimliliği ve strese duyarlı genlerin ekspresyonunun artması yoluyla kuraklık toleransını önemli ölçüde arttırdığı belirlenmiştir (Mao vd., 2022).

bZIP transkripsiyon faktörleri, ABA sinyal yolağında ve kuraklık gibi çeşitli streslere bitkinin yanıtında rol oynarlar. bZIP ailesi üyelerinin, aşırı ifadesin kuraklık stresine toleransı arttırdığı bilinmektedir. Yapılan bir çalışmada, buğday genomunda 191 *bZIP* transkripsiyon faktör geni tanımlanmıştır ve bunların arasından Traes_7AL_25850F96F.1 olarak adlandırılan genin ifade seviyesinin kuraklık uygulaması sonrasında arttığı gösterilmiştir (Agarwal vd., 2019). Ayrıca, transgenik *Arabidopsis*'te kuraklık toleransını geliştirdiği bildirilmiştir (Agarwal vd., 2019). Kuraklığa dayanıklı bir buğday çeşidi ile yapılan bir başka çalışma, bZIP ailesi üyesi TaABP1'in ifade profil analizlerine göre, bu genin ABA, yüksek tuz, düşük sıcaklık ve kuraklık maruziyeti sonucunda aşırı ifade edildiği ve bitkinin sap ve yaprak

dokularında ifadesinin köklere göre daha güçlü olduğunu göstermiştir (Cao vd., 2012). Ayrıca, transgenik tütünde *TaABP1*'in aşırı ifadesinin, bitkinin kuraklık toleransında önemli bir gelişme gösterdiği bildirilmiştir (Cao vd., 2012).

MYB (myeloblastosis)/MYC (myelocytomatosis) transkripsiyon faktörleri, ABA'ya bağımlı sinyal yolağı aracılığıyla kuraklık stresi tepkisinde rol oynamaktadırlar (Abe vd., 1997; Baldoni vd., 2015). Buğdayda, MYB ailesi üyesi *TaMYB30-B*'nin kuraklık stresine karşı verilen yanıtta rol oynadığı bulunmuştur (Zhang vd., 2012). Ayrıca, transgenik *Arabidopsis*'te *TaMYB30-B* geninin aşırı ifadesinin bazı kuraklık stresine duyarlı genlerin (*RD29A, ERD1*) ifade seviyelerinde değişime sebep olduğu gösterilmiştir (Zhang vd., 2012). Başka bir buğday MYB geni *TaMYB3R1*'in de kuraklık stres tepkisinde yer aldığı belirlenmiştir (Cai vd., 2015). Bununla beraber, *TaMYB3R1*'i aşırı ifade eden transgenik *Arabidopsis* hatlarında hem ABA'ya bağımlı genler hem de ABA'dan bağımsız genler dahil olmak üzere çeşitli kuraklık stresine duyarlı genlerin ifade seviyelerinde artış rapor edilmiştir (Cai vd., 2015).

mikroRNA'ların diğer bitkiler de olduğu gibi buğdayda da kuraklık stresine karşı verilen tepkilerde önemli düzenleyici rolü olduğu kabul edilmektedir. miRBase'e (Release 22.1) depo edilmiş miRNA sayısı 48.885'dir ve bunların içerisinde buğdayda tanımlanmış olan 126 adet buğday miRNA sekansı bulunmaktadır (Kozomara vd., 2018). *Triticum dicoccoides*'de yapılan bir çalışmada 13 adet kuraklığa duyarlı miRNA ortaya çıkarılmıştır (Kantar vd., 2010, 2011). Kuraklığa dayanıklı Hanxuan10 ve hassas Zhengyin1 çeşitleriyle yapılan bir çalışmada, stres altında ifadesi değişen 46 adet korunmuş ve 321 adet yeni (novel) miRNA tespit edilmiştir (Ma vd., 2015a). Bir başka çalışmada ise, yine kuraklık stresi altında yaprak dokusunda 285, kök dokusunda ise 244 adet miRNA belirlenmiştir (Akdogan vd., 2016).

Akdoğan vd. (2016) dokuya özgü ve kuraklık stresine duyarlı buğday miRNA'larının ifade profillerini ölçmek ve tanımlamak için mikroarray analizinden faydalanmışlardır. Çalışmada kuraklığa karşı yüksek tolerans gösteren *T. aestivum* cv. Sivas-111/33 çeşidi ile kuraklığa karşı hassas olan *T. aestivum* cv. Atay-85 çeşidi buğdayların kök ve yaprak dokularından izole edilen miRNA'ların ifade düzeylerindeki değişimler karşılaştırılmıştır. Yapılan analizler neticesinde, yaprak

dokusunda 285 adet miRNA tespit edilmiştir. Bunlardan 207 tanesinin ifade düzeyinde artış, 78 tanesinde ise azalış olduğu gözlemlenmiştir. Kök dokularında ise 244 adet miRNA belirlenmiş ve bunlardan 115 tanesinin ifadesi artarken 129 tanesinin ise azalmıştır. Ayrıca, 23 adet miRNA'nın sadece yaprakta 26 adet miRNA'nın ise sadece kökte ifade edildiği rapor edilmiştir (Akdogan vd., 2016).

2.3 Transkriptom Analizi ve Kullanılan Teknikler

George Beadle ve Edward Tatum adlı iki araştırmacı 1941 yılında moleküler biyolojinin merkezi dogmasının (central dogma) temelini açıklayacak deneyler yayınladılar (Beadle ve Tatum, 1941). Merkezi dogma, DNA üzerinde stabil olarak saklanan canlıların yaşamsal faaliyetlerini sürdürmesine dair bilginin, aracı bir molekül (mRNA) vasıtasıyla fonksiyonel ürünlere dönüştürülmesi işlemidir. Bir başka deyişle "gen ifadesi" olarak tanımlayabileceğimiz bu işlem, ilgili genin aktive olmasından, işlevsel proteinin hücre içerisinde faaliyet göstereceği lokasyona ulaşarak kendine özgü fonksiyonunu yerine getirmesi ve sonuç olarak hücrenin fenotipine katkı sağladığı ana kadar olan sürecin bütünüdür.

Prokaryotik tek hücrelilerden, ökaryotik çok hücrelilere kadar bütün canlılarda yaşamsal bilginin tamamı DNA üzerinde saklanmaktadır. Fonksiyonel ürün veren her bilgi, "gen" adı verilen DNA bölgelerinde yer alır. Bütün bu genlerin toplamı canlının "genom" unu oluşturur. DNA üzerinde saklanan bilginin tamamı sürekli olarak ifade edilmez. Organizma herhangi bir anda hangi bilgiye ihtiyacı varsa onu aracı RNA molekülüne aktarır. RNA moleküllerine yazılmış bilginin tamamı ise canlının "transkriptom" unu oluşturur. Transkriptom ise, herhangi bir andaki koşullar altında canlının yaşamını sürdürebilmesi için ihtiyaç duyduğu fenotipi sağlar.

Canlı sistemler milyonlarca yıllık evrimin getirdiği bilgi birikimi nedeniyle oldukça karmaşıktır. Organizmaların yaşamlarını devam ettirmelerini sağlayan, binlerce biyokimyasal süreç hem kendi içinde hemde diğer süreçlerle etkileşimde olduğundan anlaşılması zor olgulardır. Bu nedenle, biyolojik bilimler alanında yapılan akademik çalışmalar, samanlıkta iğne aramakla eşdeğerdir. Transkriptom analizleri ise, en

azından samanlığın ışıklarını yakıp, büyük saman balyalarını dışarı çıkararak nereye bakmamız gerektiğine yardım etmektedir.

Transkriptom analizi, herhangi bir hücrede, herhangi bir anda, herhangi bir koşul altında, o hücrede ifade edilen tüm genlerin profillerinin ortaya çıkarılmasıdır. İfade edilen genler konu edildiğinden, bu tür analizlerde RNA temel alınmaktadır. RNA temelli gen ifade analizleri 1977'de Northern Blot ile başlamıştır (Alwine vd., 1977). 1969 yılında geliştirilen hücre içi hibritleme (*in situ* hibridizasyon) tekniği (Pardue ve Gall, 1969), ancak 1986 yılında mRNA'ları tespit etmek amacıyla kullanılmaya başlanmıştır (Lewis vd., 1986). Kary Mullis tarafından Polimeraz Zincir Reaksiyonu'nun 1986 yılında keşfinden sonra (Mullis vd., 1986), Gerçek Zamanlı PZR tekniği geliştirilmiş (Higuchi vd., 1992) ve daha sonra bugün kullandığımız Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR (qRT-PZR) metoduna evrilmiştir. 1970 yılında Ters transkriptaz enziminin keşfinden sonra (Baltimore, 1970; Perevozchikov vd., 1970), kalıp RNA üzerinden DNA sentezinin mümkün olması, PZR ile birleşince gen ifade analizinde bir devrim yaşanmıştır.

Günümüzde, transkriptom analizleri için kullanılabilecek birçok yöntem bulunmasına rağmen, qRT-PZR, mikroarray ve RNAseq teknikleri çok miktarda veri elde edilmesine imkân sağladıkları için öne çıkmışlardır.

2.3.1 Gen İfadesinin İncelenmesi

Gen ifade analizi, gen ürünlerinin görüntüleme, amplifikasyon, prob hibridizasyonu veya dizileme tabanlı tespit yöntemleriyle incelenmesidir. Gen ifade analiziyle birkaç genin ifadesi incelenebileceği gibi tüm genom seviyesinde analiz de gerçekleştirilebilir. Ancak her iki durumda da temel yaklaşım aynıdır: iki farklı koşullardaki grupların karşılaştırılması. Tez çalışmasına da konu olan kuraklık stresi koşulları altında yetiştirilen buğday bireyleri ile kuraklığa maruz kalmamış buğday bireylerinin karşılaştırılması örnek olarak verilebilir.

Günümüzde, özellikle yüksek miktarda veri üreten mikroarray ve dizileme gibi yöntemler nedeniyle, bu verilerin saklanması, aktarılması ve özellikle işlenebilmesi için biyolojik veri tabanları oluşturulması mecburi hale gelmiştir. Biyolojik veri

tabanları sadece gen ifadesi verilerini değil, genom, protein ve nükleotid gibi çok çeşitli verileri içermektedir. Ayrıca bu veri tabanları, birçok tür hakkında genom, protein, gen ifadesi ve nükleotid verilerini içerebileceği gibi, sadece belli bir türe özgü veya sadece gen ifadesi verilerini içeren veri tabanları da bulunmaktadır. Gen ifadesi analizleri için sıklıkla başvurulan veri tabanlarına GEO (Gene Expression Omnibus), EBI Expression Atlas ve Unigene verilebilir. Bu veri tabanları sayesinde, akademik çalışmalar sonucu elde edilen veriler dünyanın her tarafından araştırmacılar tarafından kullanılarak yeni keşiflere imkân sağlanmaktadır.

2.3.2 miRNA İfadelerinin İncelenmesi

MikroRNA'lar (miRNA), bitkiler ve hayvanlarda hedef gen ifadesini düzenleyen, 20-24 nt uzunluğunda, endojen, çoğunlukla korunmuş, kodlama yapmayan küçük RNA molekülleridir. miRNA'ların hücre farklılaşması, gelişimi, büyümesi, metabolizması ve hatta stres cevabı dahil olmak üzere birçok biyolojik fonksiyonun düzenlenmesinde önemli roller oynadığı bilinmektedir.

Bir miRNA'nın biyosentezi, RNA Polimeraz II enzimi tarafından şapka (5' cap) ve poli A kuyruğu [3' poly (A)] kuyruğu içeren birkaç yüz baz uzunluğunda bir RNA molekülü senteziyle başlamaktadır. Bu sentezlenen RNA molekülüne pri-miRNA adı verilmektedir. Pri-miRNA çekirdek içerisinde DROSHA enzimi ve birkaç başka mikroişlemci tarafından şapka ve poli A kuyruğu kesilerek pre-miRNA molekülüne dönüştürülür. Daha sonra sitoplazmaya geçen pre-miRNA molekülü DICER aracılığı ile miRNA/miRNA* dubleksine dönüştürülmektedir. Bu dubleks önce AGO-DICER aracılığıyla tek zincirli olgun (mature) miRNA molekülüne dönüştürülmekte ve RISC (RNA-induced silencing complex) kompleksine katılmaktadır. Bu kompleks hedef mRNA molekülüne bağlanarak, ya mRNA molkekülünün kesilmesi ya da translasyonunun baskılanmasıyla gen ifadesini düzenlemektedir.

Günümüzde miRNA ifade analizleri northern blot, *in situ* hibridizasyon, qRT-PZR, mikroarray ve RNAseq dizileme ile yapılmaktadır. miRNA'lar çok küçük moleküller olduğundan qRT-PZR yöntemi ile yapılan analizlerde birkaç farklı yaklaşım bulunmaktadır. Stem-loop RT primer (Kramer, 2011) yaklaşımına göre, stem-loop RT

primer olgun miRNA molekülüne bağlanmakta ve komplementer DNA (cDNA) sentezi yapılmaktadır. Daha sonra sentezlenen cDNA'lar kullanılarak, miRNA dizisine özgül ileri (forward) ve evrensel geri (universal reverse) primerler ile qRT-PZR reaksiyonu gerçekleştirilmektedir. Diğer bir yöntem ise, poliadenilasyon yaklaşımıdır (Shi ve Chiang, 2005). Buna göre, olgun miRNA molekülüne poli A polimeraz enzimi ile poli A kuyruğu sentezlenmekte ve poli T adaptör kullanılarak cDNA sentezi sağlanmaktadır. Daha sonra bu cDNA molekülleri kullanılarak miRNA dizisine özgü ileri ve poli T adaptör dizisine özgü geri primerlerle qRT-PZR reaksiyonu gerçekleştirilmektedir. Bu yaklaşımların yanında, bir ligaz enzimi aracılığıyla miRNA molekülünü halkasal forma dönüştürerek cDNA sentezi sonrasında, örtüşen primerler ile qRT-PZR reaksiyonun sağlanmasını temel almaktadır (Kumar vd., 2011). Bir diğer yaklaşımda, yine bir ligaz enzimi aracılığı ile evrensel bir DNA adaptörünün olgun miRNA molekülüne takılarak, adaptör moleküle spesifik bir primer aracılığıyla RT reaksiyonun sağlanması sonrasında miRNA'ya özgü ileri ve evrensel geri primerler kullanılarak qRT-PZR reaksiyonun gerçekleştirilmesine dayanmaktadır (Ge vd., 2014).

Mikroarray ile miRNA ifade analizi ise 40 nükleotid uzunluğunda miRNA oligoproblar ile mikroarray çip hazırlanmaktadır. Daha sonra, 2 adet modifiye edilmiş biyotin içeren nükleotid ile sinyal kalitesini yükseltmek üzere oligonükleotid dizisini uzatmak için poli A dizisine sahip random oktamer oligonükleotidler RT primer olarak kullanılarak, hedef cDNA sentezi sağlanmaktadır. Sentezlenen hedef cDNA dizileri mikroarray çip üzerinde miRNA oligoproblar ile hibridize edildikten sonra okumalar yapılmaktadır (Liu vd., 2008).

RNAseq dizileme günümüzde miRNA ifade profillerinin belirlenmesinde ve yeni miRNA'ların keşfedilmesinde yaygın olarak kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntemde, örneklerden izole edilen total RNA'lar küçük RNA'larca zengin izolat elde etmek üzere tekrar bir izolasyon işlemine tabi tutulur. Daha sonra, RNA moleküllerinin 3' ve 5' uçlarına adaptör diziler takılarak, 5' adaptör molekülüne özgü RT primer aracılığıyla cDNA sentezi gerçekleştirilir. Sentezlenen cDNA molekülleri ile az miktarda bulunan küçük RNA'lar PZR reaksiyonu yardımıyla çoğaltılarak, PAGE

(Poliakrilamid Jel Elektroforezi) ile saflaştırılırlar. Bu şekilde oluşturulan miRNA kütüphaneleri dizilenerek elde edilen veriler biyoinformatik yöntemlerle haritalanırlar.

2.3.3 Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi

Yeni nesil dizileme (NGS) teknolojisi, ultra yüksek verim, ölçeklenebilirlik ve hız sunan, büyük ölçekte veri elde edilmesine olanak sağlayan bir dizileme teknolojisidir. Bu teknoloji, tüm genomdaki veya DNA ya da RNA'nın hedeflenen bölgelerindeki nükleotidlerin dizisini belirlemek için kullanılmaktadır. NGS, biyolojik bilimlerde devrim yaratarak laboratuvarların çok çeşitli uygulamalar gerçekleştirmesine ve biyolojik sistemleri daha önce mümkün olmayan bir düzeyde incelenmesine olanak sağlamıştır.

Farklı dizileme teknolojilerini kullanan çok sayıda NGS platformu vardır. Bununla birlikte, tüm NGS platformları, paralel olarak milyonlarca küçük DNA parçasının dizilenmesinin gerçekleştirilmesi yaklaşımı üzerine kurgulanmıştır. Biyoinformatik analizler, herbir okumayı referans genomlarla eşleştirerek bu parçaları bir araya getirmek için kullanılmaktadır.

Dizileme teknolojileri 3 nesil altında sınıflandırılmaktadır. 1. nesil dizileme, Sanger dizileme olarak da bilinmektedir. Neredeyse %100 doğrulukla veri üretmektedir. Sanger dizileme ile 400-900 baz uzunluğundaki DNA parçaları dizilenmektedir. Yöntem olarak dideoksi bazlar ile sonlandırmaya dayanmaktadır ve herbir analizde 2.1 megabayt veri üretmektedir. 2003 yılında tamamlanan insan genom projesi bu yöntemle yürütülmüş, yaklaşık 13 yıl sürmüş ve 3 milyar dolara mal olmuştur.

2. nesil dizileme teknolojileri ise Illumina/HiSeq ve Ion Torrent/Ion Proton platformlarından oluşmaktadır. Bunlardan Illumina %99.9 doğruluk sunarken Ion Torrent platformu %99 ve üzeri doğruluk ile veri üretmektedir. Yine Illumina 150 baz çifti, Ion Torrent ise 200 baz çifti uzunlukta DNA fragmanlarını dizilemektedir. Illumina tersinir sonlandırıcı (reversible terminator) yaklaşımını kullanırken, Ion Torrent proton belirlemeye dayanmaktadır. Illumina herbir analizde 1,5 terabayt veri üretirken, Ion Torrent 10 gigabayt veri sağlamaktadır. Sanger dizileme ile

karşılaştırıldıklarında, insan genom projesini bir hafta içinde ve 100 dolar maliyetle tamamlanmasına olanak sağlamaktadırlar.

3. nesil dizileme teknolojileri ise PacBio/Sequel II, ONT/PromethION ve ONT/MinION mk platformlarından oluşmaktadır. Her üç platformda 1. ve 2. Nesil teknolojilere göre düşük (%85) doğrulukla dizileme yapmaktadır. Ancak, dizileme yapabildikleri DNA parçalarının büyüklüğü sırasıyla 20 kb, 9846 ve 9545 baz uzunluklarına ulaşarak diğer iki nesli geride bırakmaktadır. Her üç platformda Gerçek Zamanlı Tek Molekül Sekanslama (Real-Time SMS) yaklaşımına dayanmaktadır ve herbir analizde yine sırasıyla 100 Gb, 7,6 Tb ve 50 Gb veri sağlamaktadır. 3. Nesil dizileme platformları ayrıca cDNA sentezine ihtiyaç duyulmadan direk RNA dizilemesi yapabilmektedirler.

2.3.4 qRT-PZR

Kantitatif gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu (qRT-PZR), PZR ürününün miktarının eş zamanlı olarak izlenebildiği bir yöntemdir ve gen ifadesi analizi çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır. qRT-PZR, elektroforez veya dansitometri gibi herhangi bir ek analize ihtiyaç duymaz ve birden fazla genin aynı anda değerlendirilmesini olanak sağlar.

qRT-PZR yönteminde eş zamanlı olarak analizin takip edilmesi için florasan boyalar kullanılmaktadır, ancak farklı yaklaşımlar mevcuttur. Bu yaklaşımlardan ilki SYBR Green boyasını esas almaktadır. SYBR green, çift zincir DNA molekülüne bağlanarak ışıma yapan bir boyadır. PZR reaksiyonu boyunca her bir döngüde uzama basamağının sonunda kamera ile okuma alınarak takip edilir. Maliyetinin ucuz olması ve deneye özgü olmaması nedeniyle yaygın olarak kullanılmaktadır. Dezavantaj olarak ise yanlış ürünlere bağlanarak ışıma yapması yani özgüllüğünün düşük olması çalışmanın doğruluğu açısından sorun teşkil eder. Ancak, erime eğrisi (Melting Curve) analizinden yararlanılarak bu dezavantajının önüne geçilebilir.

Diğer bir yaklaşım ise florasan ışıma yapan probların kullanılmasıdır. Prob yaklaşımı Taqman ve hibridizasyon probları olmak üzere 2'ye ayrılır. Taqman probları ilgilenilen gene özgü olarak sentezlenen ve üzerinde boya ve quencher adı verilen

moleküller taşıyan primerlerdir. Boya ve quencher bir arada iken boyanın ışıma yapması quencher tarafından baskılanır. Ancak, prob DNA'ya bağlanırsa, DNA polimeraz 5' ekzonükleaz aktivitesi nedeniyle boyayı ve quencher'ı birbirinden ayırır. Böylece boya serbestçe ışıma yapar ve kamera tarafından tespit edilir. Hibridizasyon problarında ise ilgilenilen gene özgü 2 adet primer vardır ve primerlerden biri boyayı (acceptor) taşırken diğeri boyanın ışıma yapabilmesi için gereken enerjiyi sağlayan donor molekülü taşır. Bu iki prob DNA'ya bağlı olmadıklarında birbirinden uzak olduklarından enerji transferi gerçekleşmez ve ışıma olmaz. Eğer, probların her ikiside DNA üzerinde özgül dizilerine bağlanırsa, donor ve acceptor moleküller biraraya gelerek enerji transferi gerçekleşir ve ışıma olur. Bu yöntem aynı zamanda FRET (Fluorescence Resonance Energy Transfer) adıyla bilinmektedir. Bunların yanında moleküler boncuk (molecular beacon) ve scorpion primer yaklaşımları da bulunmaktadır. qRT-PZR analizlerinde, iki farklı koşuldaki örnekleri birbirine göre değerlendirmek üzere göreceli ölçme [relative quantification, delta-delta cT ($2^{-\Delta\Delta cT}$)] analiz metodu ya da mutlak ölçme (absolute quantification) analiz metodu kullanılmaktadır. Göreceli ölçme metoduna göre gen ifadesi analizi, iki farklı durumdan elde edilen eşik değerler (threshold cycle, cT) bir algoritma yardımıyla hesaplanır. Mutlak ölçme metoduna göre ise herbir örnek için RNA kopya sayısı, kullanılan standart eğrisi yardımıyla tam olarak hesaplanır. Hangi metod uygulanırsa uygulansın, ifade seviyesi koşullara veya dokulara göre değişim göstermeyen içsel (internal) kontrol geni (bir house-keeping gen), ilgilenilen genlerle eşzamanlı olarak analiz edilerek sonuçların normalizasyonu sağlanılmalıdır.

2.4 Biyoinformatik Analizler

Son yıllarda Biyolojik Bilimlerde üretilen ve araştırmacıların kullanımına sunulan bilgi müthiş bir hızla artmıştır. Öyleki, bu büyüklükteki verinin analiz edilmesi neredeyse imkânsızdır. Büyük miktardaki bu verinin toplanmasını, sınıflandırılmasını, saklanmasını, erişilebilir olmasını, düzenlenmesini ve analiz edilmesini mümkün kılmak üzere biyoinformatik bilim dalı doğmuştur. Biyoinformatik, büyük ve karmaşık biyolojik verilerin anlaşılabilmesi için matematik, istatistik ve bilgi teknolojilerini kullanarak metodlar ve araçlar geliştiren disiplinlerarası bir bilim dalıdır.

Deneysel çalışmalarla elde edilen genomik, transkriptomik ve proteomik veriler, internet üzerinde veri tabanlarına (Örneğin, Genbank, EMBL, DDBJ) depo edilmektedir. Böylece Dünya üzerindeki tüm araştırmacılar, başkaları tarafından elde edilmiş ve veri tabanına yüklenmiş verilere ücretsiz olarak erişebilir ve kendi çalışmaları için kullanabilirler. Araştırmacıların bu verileri kullanabilmeleri için sadece internet bağlantısı ve yazılımsal araçlara ihtiyaçları vardır. Dünya çapında ağda bulunan çeşitli araçlar ve veri tabanları kullanılarak DNA ve proteinlerin dizi analizi yapılması en temel biyoinformatik analizdir. Bu araçlar arasında en basit ve yaygın olan ve Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (NCBI) üzerinden erişilen BLAST (basic local alignment search tool) örnek olarak verilebilir. Bu yazılım, benzer nükleotid kompozisyonuna sahip genler için veri tabanlarında arama yapmak için kullanılmaktadır. Bununla birlikte, DNA ve protein dizi verilerini almak, sınıflandırmak, analiz etmek, tahmin etmek ve depolamak için karmaşık yazılım programları da (Ör; CLC Genomic Workbench, R) kullanılmaktadır.

2.4.1 Transkriptom Analizinde Kullanılan Paket Programlar

Deneysel çalışmalar sonucunda elde edilen veri, Dünya üzerinde tüm kullanıcıların kullanımına açık olmasına karşın, bu büyük ve kompleks ham verinin anlamlandırılması için karmaşık algoritmalar kullanılarak analiz edilmesi gerekmektedir. Bu ihtiyaca yönelik olarak bazı paket programlar mevcuttur.

CLC Genomic Workbench, Qiagen firması tarafından geliştirilmiş, özellikle yeni nesil dizileme ile elde edilen verilerin analizi için kolaylık sağlayan bir yazılımdır. CLC Genomic Workbench, tüm genom ve transkriptom gibi NGS verilerinin yeniden düzenlenmesinde (*de novo* assembly), genetik varyantları tespit etme ve karşılaştırma, varyant analizi, haplotip belirlenmesi ve tüm genom boyunca transkripsiyon bağlanma bölgelerinin tespiti gibi birçok analize olanak vermektedir.

2.4.2 Yolak Analizi Programları

Yolak analizleri, deneysel yöntemlerle belirlenen genlerin hücre içinde hangi moleküler süreçlerde yer aldığını belirlemek üzere yararlanılan veri tabanlarıdır.

Yaygın olarak kullanılan yolak analiz programları olan “Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes” (KEGG) ve “MapMan Site of Analysis” araçları aşağıda açıklanmıştır.

KEGG, hücre, organizma ve ekosistem gibi biyolojik sistemlerin üst düzey fonksiyonlarını ve faydalarını moleküler düzeydeki veri içerisinden, özellikle deneysel olarak elde edilen genom dizilimi ve diğer yüksek verimlilikle oluşturulan büyük ölçekli moleküler veri kümelerinden ayıklayarak anlayabilmek için yararlanılan bir veri tabanıdır. KEGG yolak analizi, moleküler etkileşim, reaksiyon ve ilişki ağları hakkındaki bilgimizi temsil eden manuel olarak çizilmiş yolak haritalarının bir koleksiyonudur. Bu yolaklar; metabolizma (genel, karbonhidrat, enerji, lipid, nükleotid, vb. metabolizma yolakları), genetik bilgi süreçleri, çevresel bilgi süreçleri, hücresel işlevler, organizma sistemleri, insan hastalıkları ve ilaç geliştirme gibi başlıklar altında sınıflandırılmıştır.

MapMan ana iskeleti, omik verilerin bitkilerde yer alan hangi süreçlerde yer aldığını ortaya çıkarmak üzere, verilerinin görselleştirilmesini kolaylaştırmak için bitkilere özel olarak geliştirilmiş bir araçtır. MapMan, biyolojik bağlamları/kavramları tanımlayan "bin" olarak adlandırılan terimlerden oluşan basit bir hiyerarşik ağaç yapısı kullanır. Başlıca biyolojik süreçler (örneğin, fotosentez) üst düzey ana dallarda yer alır ve her alt dal, altında yer aldığı ana dal bağlamında daha dar odaklı bir alt süreci veya bileşeni temsil eder. Her nekadar, teorik olarak daha yüksek seviyeli dallara atama desteklendiyse de, anotasyonun mümkün olduğunca kesin olması için proteinlerin en düşük seviyeli dallara atanması tercih edilmiştir. Proteinler çoğunlukla tek bir dala atanmıştır, ancak çeşitli biyolojik işlemlerde işlevlere sahip bazı proteinler birden çok dallara atanmıştır.

2.4.3 Anotasyon Programları

Blast2GO (B2G), henüz hiçbir Gen Ontolojisine (GO) adreslenmemiş olan dizi verileri üzerine dayalı veri işlenmesini sağlamak amacıyla tasarlanmış bir araçtır. B2G, model organizma olmayan türlerin genomik araştırmalarına gelişmiş fonksiyonel analiz getiren evrensel bir GO açıklama, görselleştirme ve istatistik çerçevesi sağlamaktadır. B2G, yüksek çıktı üreten dizi anotasyonlarına izin vermekte ve anotasyon tabanlı veri

madenciliği için işlevselliği entegre etmektedir. Kısaca, B2G, FASTA formatındaki giriş dizilerine yönelik homologları bulmak için BLAST yöntemini kullanmaktadır. Program, mevcut anotasyonları eşleyerek elde edilen her adresleme için GO terimlerini getirmektedir. Anotasyon kurallarına göre sonuçta sorgu dizisine GO terimleri atanmaktadır. Açıklama ve işlevsel analiz, GO ilişkilerini yeniden yapılandıran ve en alakalı alanları renkle vurgulayan bir grafik biçiminde görselleştirilebilir. Son olarak, anotasyon ve işlevsel analiz, GO ilişkilerini yeniden yapılandırarak ve en alakalı alanları renkle vurgulayan bir grafik biçiminde görsel olarak çıktı sunmaktadır.

2.5 Çalışmanın Amacı

Bu tez çalışmasında, farklı ploidi seviyelerine sahip, kuraklık stresine toleranslı makarnalık buğday *T. turgidum* cv. Kızıltan-91, orta derecede tolerans gösteren ekmeklik buğday *T. aestivum* cv. Yüreğir-89 ve hassas olan atasal buğday *T. monococcum* türlerinde, kuraklık stresi altında önceden tanımlanmış ve tanımlanmamış yeni (novel) miRNA'ların ve hedef genlerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Böylece, farklı genom setlerine sahip bu türlerde, kromozom katlanmaları sonucunda korunan ve kaybolan miRNA'ların hangi buğday türünden köken aldığı, filogenetik dağılımları ve ifade seviyelerindeki değişiklikler ortaya çıkarılmıştır. Ayrıca, biyoinformatik yöntemler ve degradom kütüphaneleri aracılığı ile miRNA'lar tarafından hedeflenen genler belirlenerek, miRNA'ların herbir türde kuraklık stresi tepkisindeki rolleri saptanmıştır. Bunun yanında, kuraklık stresine verilen cevabın moleküler mekanizmasının daha iyi anlaşılması amacıyla, belirlenen hedef genlerin GO (Gene Ontology), ve MapMan yolak analizleri gerçekleştirilmiştir. Son olarak, RNASeq okumaları ve biyoinformatik analiz sonuçlarına göre belirlenen miRNA ve hedef genlerin ifade analizleri qRT-PZR ile doğrulanmıştır.

3. YÖNTEM

3.1 Araç, Gereç ve Kullanılan Kitler

Bitki örneklerinden Total RNA izolasyonu için Invitrogen Trizol reaktifi (Paisely, UK) kullanılmıştır. İzole edilen RNA örneklerinin saflaştırılmasında Turbo DNase I (Ambion, Inc., TX, USA) kiti kullanılmıştır. İzolasyon sonrası elde edilen RNA örneklerinden cDNA sentez reaksiyonu, iScript™ Reverse Transcription Supermix for RT-qPCR (Biorad, USA) ve Thermo Scientific Fermentas RevertAid™ First Strand cDNA Synthesis Kit (Cornaredo, Italy) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Çalışmaya konu edilen tüm miRNA ve hedef genlerin kantitatif Real-Time PCR (qRT-PZR) reaksiyonu ile ifade analizlerinde, iTaq™ Universal SYBR® Green Supermix (Biorad, USA) kiti kullanılmıştır. Tüm biyoinformatik analizler ise CLC Genomiks Workbench versiyon 11.1 yazılımı kullanılarak yapılmıştır.

3.2 Bitkilerin Yetiştirilmesi ve Stres Uygulamaları

3.2.1 Bitki Materyalleri

Ekmeklik buğday çeşiti olan *Triticum aestivum* cv. Yüreğir-89'a ait tohumlar Doğu Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden (Adana), Makarnalık buğday çeşiti olan *Triticum turgidum durum* cv. Kızıltan-91'e ait tohumlar Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden (Ankara) ve atasal buğday türü olan Siyez'e (*Triticum monococcum*) ait tohumlar İhsangazi Belediye Başkanlığı'ndan (Kastamonu) temin edilmiştir. Çalışma başlatılmadan önce, üç buğday çeşitine ait tohumlar çimlendirme testine tabi tutulmuştur.

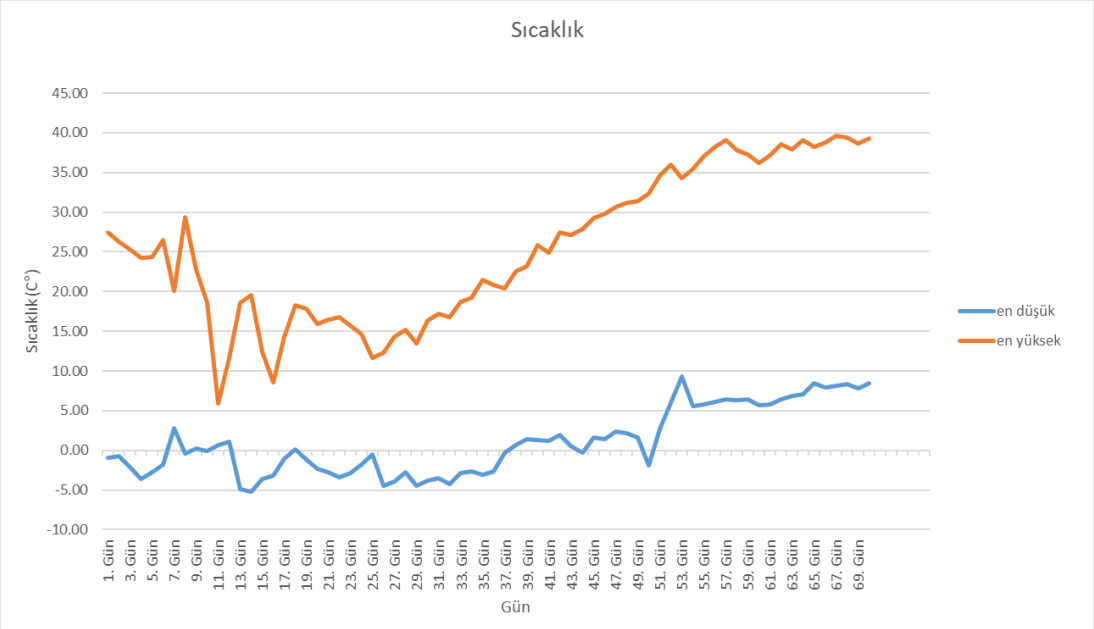
Çalışma kapsamında, tüm buğday türlerine ait tohumlar yüzey sterilizasyonu sonrası, her bir tür için 20'şer adet No:10 standart saksılara ve her bir saksı 10 adet tohum içerecek şekilde ekim yapılmıştır. Saksılarda çimlenme %90-95 oranında gerçekleşmiştir. Bu sayede, her bir tür için 10 adet saksıda 90-95 adet çimlenmiş buğday fidesi kontrol grubu ve aynı sayıda saksı ve buğday fidesi kuraklık stresi uygulanacak grup olarak belirlenmiştir. Bitkiler yetiştirildikten sonra, kontrol ve

kuraklık stresi uygulanan gruplarda yer alan bütün buğdaylar toplanmıştır. Kontrol ve stres uygulanan gruplardan elde edilen kök ve yaprak dokularına ait örneklerin tamamı kullanılarak RNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Böylece her bir örnek grubu için (3 tür X 2 doku X 2 koşul = 12 örnek grubu) örneklem kümesi geniş tutulmaya çalışılmış ve bireysel farklılıkların deney sonuçlarına olası etkisinin mümkün olduğunca düşürülmesi amaçlanmıştır.

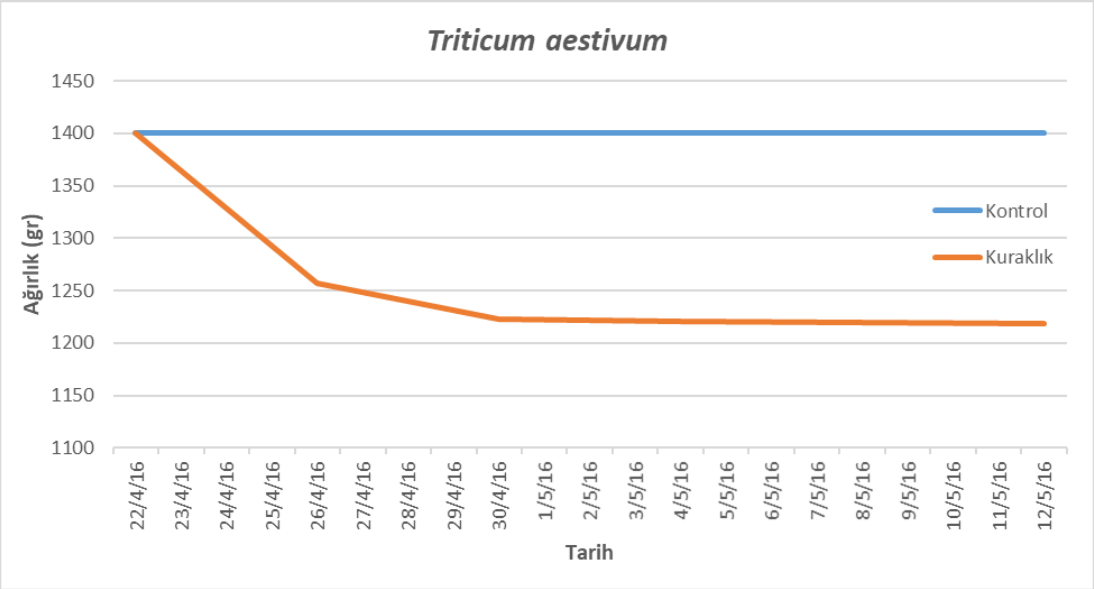
Tohumların çimlenmesi ve fidelerin geliştirilmesi için bütün saksılar eşit biçimde 200 mL su ile gün aşırı sulanmıştır. Buna ek olarak, haftada 2 defa sulama işlemi 200 mL ½ Hoagland solüsyonu (Hoagland ve Arnon, 1950) kullanılarak ve yine bütün saksılara kapsayacak şekilde yapılmıştır. Kuraklık stresi uygulamasının başlatıldığı 6. hafta sonuna kadar bütün saksılar bu şekilde sulanmaya devam edilmiştir. Bitkilere stres verilmeye başlandıktan sonra örnekler toplanıncaya kadar ise kontrol grubuna ait saksılar aynı düzende sulanmaya devam edilmiştir. Kuraklık stresi uygulanan gruba ait saksılara ise, stresin verilmeye başlandığı ilk gün saksı ağırlıkları su ile eşitlendikten sonra, stres uygulaması sonlandırılıp örnekler toplanıncaya kadar sulama yapılmamıştır. Stres uygulamasına başlandıktan sonra her 3 günde bir tüm saksıların ağırlık ölçümleri kayıt altına alınmıştır. Yaklaşık 10 gün sonra kuraklık stresine maruz bırakılan saksıların ağırlıkları eşitlenmiştir.

Bitkileri tarla şartlarında en yakın şekilde yetiştirmek üzere iklimlendirme kabini kullanılmamış, saksılar ekimden örnekler toplanıncaya kadar açık arazide kurulan serada tutulmuştur. Saksıların yağışlardan etkilenmesini önlemek amacıyla üstü kapatılmış ancak yan tarafları açık sera kullanılmıştır. Tohumlar, saksılara doldurulan torf ve perlit içerisine ekilmiş ve yaklaşık bir hafta sonra her üç buğday çeşitine ait tohumlar çimlenmiştir. Bitkiler bir ay süresince büyütülmüş ve aynı gün yani ekimden sonraki 6. haftanın sonunda kuraklık stresi uygulaması literatürde benzer çalışmalarda olduğu gibi su verilmeyerek yapılmıştır (Hackenberg vd., 2015; Ma vd., 2015b). Kökler tarafından topraktan suyun alınmasının zorlaştığı veya alınamadığı noktada yani bitkilerin solma noktasına geldiği zaman stres uygulaması sonlandırılmış ve aynı gün bitkilerin kök ve yaprak dokularından örnekler alınmıştır. Kuraklık stresi uygulaması sonunda hem kontrol hem de kuraklık stresi uygulanmış bitkilerden kök ve yaprak örnekleri alınarak her bir buğday çeşidi için miRNA ve degradom

kütüphanesi kurmak üzere ayrı ayrı toplanmıştır. Alınan doku örnekleri, sıvı nitrojen ile dondurularak RNA izolasyonunda kullanılmak üzere -80 °C' de saklanmıştır.



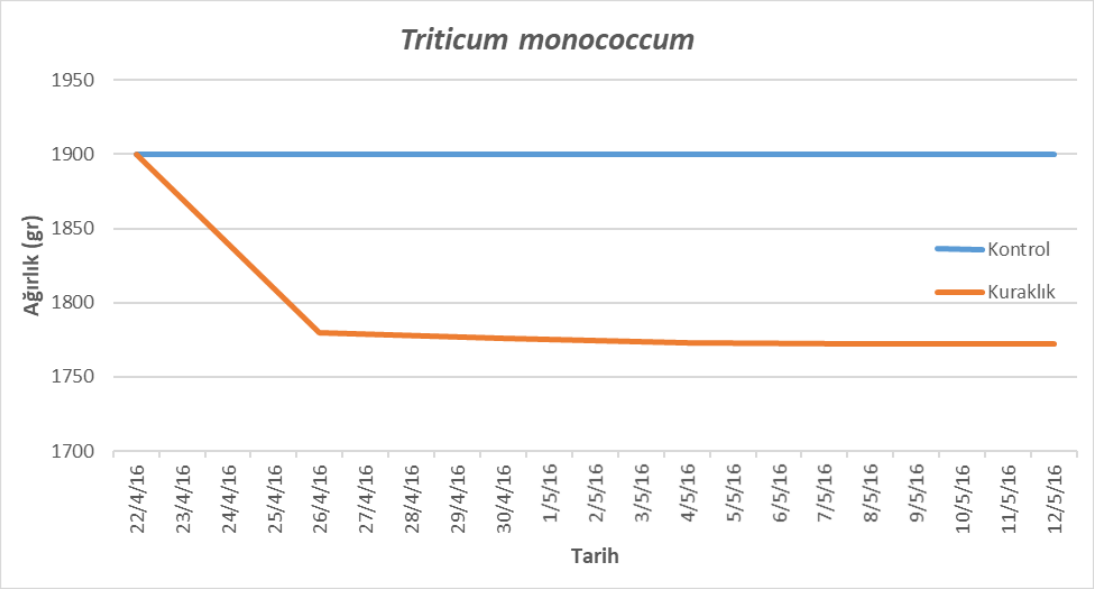
Şekil 3.1 Bitkilerin yetiştirilmesi ve stres uygulaması süresince günlük olarak serada ölçülen en düşük ve en yüksek sıcaklık değerleri



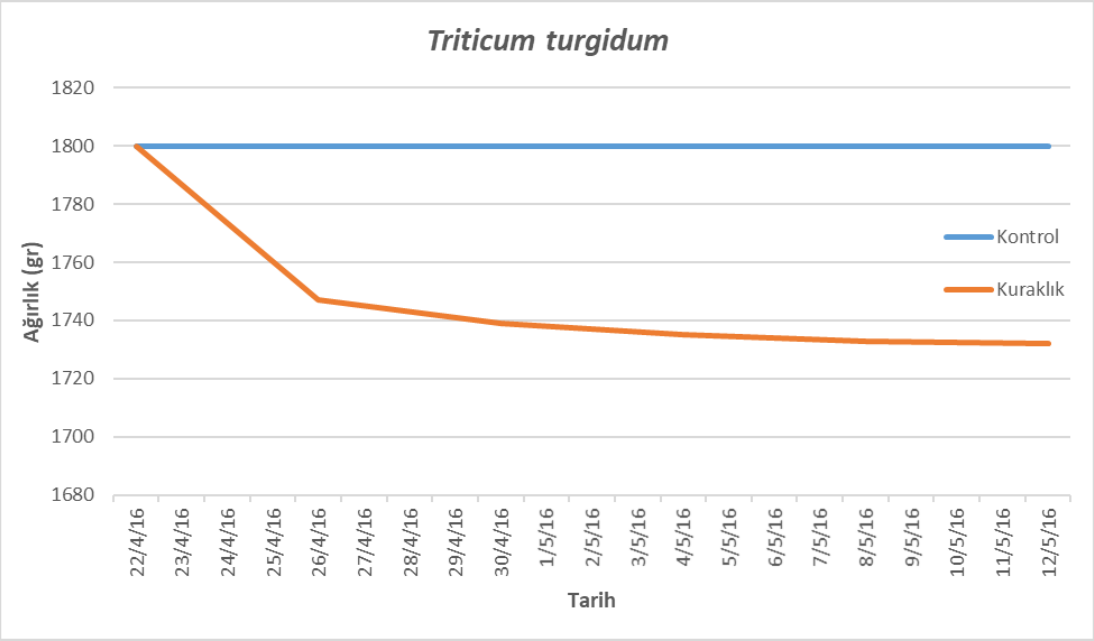
Şekil 3.2 *T. aestivum* cv. Yüreğir-89' a ait kontrol ve kuraklık stresi uygulaması sonucunda saksıların ağırlıkları.

Tohumların ekiminden itibaren günlük olarak en düşük ve en yüksek sıcaklıklar (Şekil 3.1), stres uygulaması başlangıcından itibaren ise saksıların ağırlıkları üç günde bir defa olmak üzere örnekler toplanıncaya kadar takip edilerek kayıt altına alınmıştır.

Yüreğir, Siyez ve Kızıltan için kontrol ve kuraklık stresine maruz bırakılmış saksıların ağırlıkları sırası ile Şekil 3.2, Şekil 3.3 ve Şekil 3.4' te gösterilmiştir.



Şekil 3.3 *T. monococcum* cv. Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresi uygulaması sonucunda saksıların ağırlıkları.



Şekil 3.4 *T. turgidum durum* cv. Kızıltan-91' e ait ait kontrol ve kuraklık stresi uygulaması sonucunda saksıların ağırlıkları.

3.3 Küçük RNA' larca Zengin Total RNA İzolasyonu, RNA karekterizasyonu, cDNA sentezi

3.3.1 mirVana™ Kiti ile Küçük RNA (sRNA)' larca Zengin Total RNA İzolasyonu

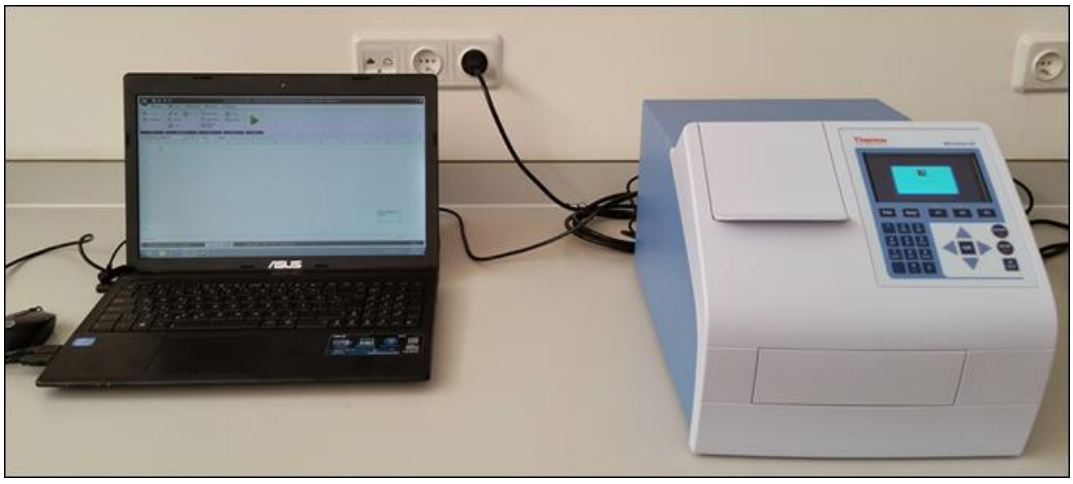
Derinlemesine miRNA dizilemesini gerçekleştirmek için, *T. aestivum* cv. Yüreğir-89 (ekmeklik buğday), *T. turgidum durum* cv. Kızıltan-91 (makarnalık buğday) ve atasal buğday türü Siyez'e (*T. monococcum*) ait kök ve yaprak dokularından alınan örnekler kullanılarak, mirVana™ Kiti (Ambion, cat. AM1552, USA) ile üreticinin belirttiği izolasyon protokolüne bağlı kalınarak, miRNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. İzolasyon basamakları aşağıdaki gibi uygulanmıştır:

1. İlk olarak, bitki dokuları porselen havan içerisinde sıvı azot yardımıyla toz haline getirildikten sonra, 100 mg örnek eppendorf tüpe alınmıştır.
2. Örneklerin bulunduğu tüplere 1 mL "Lysis/Binding Buffer" (100 mg örnek için 1 ml) eklenmiş ve karışım topaklanma kalmayacak şekilde homojenize olana kadar karıştırılmıştır.
3. Lizat (Lysate) üzerine, her bir tüp içerisindeki toplam hacmin 1/10'u kadar "miRNA Homogenate Additive" bileşeni eklenerek tüpler vorteks ile kuvvetlice karıştırılmış ve 10 dakika buz üzerinde bekletilmiştir.
4. Lizat ile aynı hacimde asit-fenol:kloroform tüplere eklenip, vorteks yardımıyla 30-60 saniye karıştırıldıktan sonra, oda sıcaklığında 5 dakika 10.000 x g'de santrifüj yapılmıştır. Santrifüj sonrasında üst faz, orta ve alt faz kontaminasyonu olmamasına dikkat edilerek yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır.
5. Yeni tüplere alınan üst faz hacminin 1/3'ü kadar %100 etanol eklenerek iyice karıştırılmış ve koleksiyon tüpleri içerisine yerleştirilen "Filter Cartridge" adı verilen kolonlara aktarıarak 15 saniye 10.000 x g'de santrifüj yapılarak, filtreden geçen sıvı faz (filtrat) yeni tüplere alınmıştır.
6. Filtrat üzerine bu hacmin 2/3'ü kadar %100 etanol eklenmiş ve iyice karıştırılmıştır.
7. Filtrat/Etanol karışımı toplama tüpleri içerisine yerleştirilen ikinci kolonlara aktarıldıktan sonra, 15 saniye 10.000 x g'de santrifüj yapılmış ve santrifüj

sonrasında filtreden geçen sıvı faz uzaklaştırılmış, kolonlar ise yıkama aşaması için tutulmuştur.

8. Yıkama aşamasında kolonlara 700 µl Wash 1 solüsyonu eklenip 1 dakika 5.000 x g'de santrifüj yapılarak filtreden geçen sıvı faz uzaklaştırılmıştır.
9. Kolonlara 500 µl Wash 2/3 solüsyonu eklenerek, 1 dakika 5.000 x g'de santrifüj yapılarak filtreden geçen sıvı faz uzaklaştırılmıştır.
10. Kolonlara ikinci defa 500 µl Wash 2/3 solüsyonu eklenerek, 1 dakika 5.000 x g'de santrifüj yapılarak filtreden geçen sıvı faz uzaklaştırılmıştır.
11. Kolonlar 1 dakika 5.000 x g'de santrifüj yapılarak filtrelerde kalmış olan yıkama solüsyon kalıntıları da uzaklaştırılmıştır.
12. Kolonlar yeni tüplere yerleştirilmiş ve daha önceden 95 °C'ye ısıtılmış, Elution solüsyonundan 50 µl alınarak filtrelerin ortasına dikkatli bir şekilde eklenerek, 10.000 x g'de 15 saniye santrifüj edilerek, elde edilen RNA'ca zengin eluat, RNA saflık ve bütünlük (integrity) analizleri sonrasında ileride kullanılmak üzere -80 °C'de saklanmıştır.

RNA izolasyonu tamamlandıktan sonra, RNA'ların bütünlükleri %1'lik agaroz jel elektroforezi, RNA konsantrasyonu ve protein kontaminasyonu ise MultiscanGO nanospektrofotometre (Şekil 3.5) ile A260 ve A280 nm' de spektrofotometrik ölçümler ile kontrol edilmiştir.



Şekil 3.5 RNA'ların miktar ve kalite tayininin spektrofotometrik olarak gerçekleştirildiği MultiscanGO nano-spektrofotometre cihazı

3.3.2 RNA'ların Saflaştırılması

mirVana™ miRNA izolasyon kiti ile küçük RNA (sRNA)'larca zengin total RNA izolasyonu sonrasında, olası DNA bulaşının önüne geçmek için DNaz muamelesi yapılmıştır. İzole edilen RNA örnekleri, RNase ihtiva etmeyen Turbo DNase I (Ambion, Inc., TX, USA) ile muhtemel DNA kalıntılarından arındırılmıştır. Reaksiyon kurulumu ve prosedürü, üreticinin önermiş olduğu protokole uygun olarak Tablo 3.1'de belirtildiği şekilde uygulanmıştır. Ardından RNA' ların kalitesi ve miktarı MultiscanGO nanospektrofotometre ölçümü ve jel elektroforezi ile belirlenmiştir.

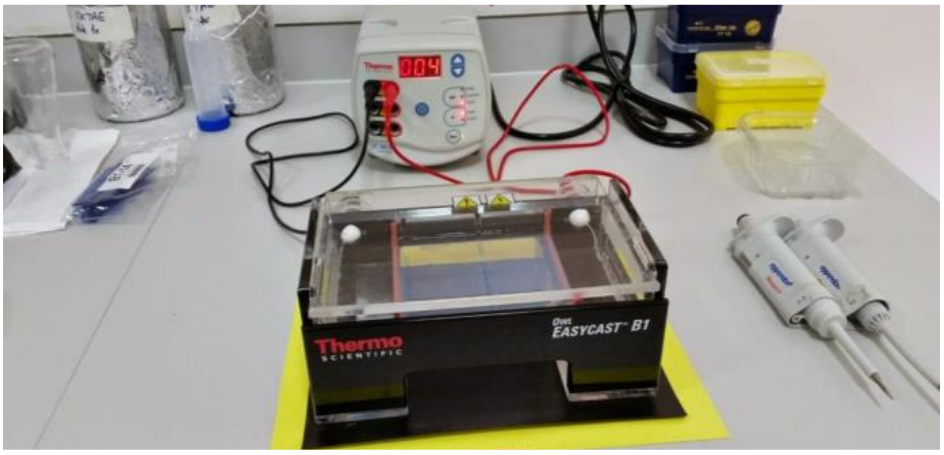
Tablo 3.1 DNaz reaksiyon kurulumu ve uygulama basamakları

Bileşen (Niteliği)	**Hacim/Miktar**
RNA	1 µg
10X Reaksiyon Tamponu ($MgCl_2$ içeren)	1 µL
Dnase I (RNase içermeyen)	1 µL (1 U)
Su (DEPC ile muamele edilmiş)	Son hacim 10 µL'ye tamamlanır
İnkübasyon I – DNaz I aktivitesi (37 °C'de 30 dk.)	
EDTA (50 mM)	1 µL
İnkübasyon II – DNaz I inaktivasyonu (65 °C'de 10 dk.)	

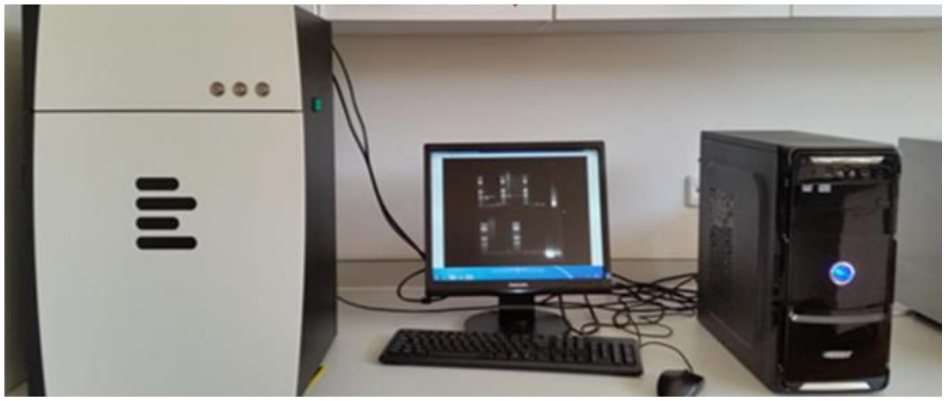
3.3.3 Agaroz Jel Elektroforezi

İzole RNA'lar saflaştırıldıktan sonra %2'lik agaroz jel elektroforezi ile RNA bütünlükleri (integrity) kontrol edilmiştir. 1 gr agaroz 50 mL 1X TAE (Tris-Asetik Asit-EDTA) tampon içerisine eklenmiştir. Mikrodalga fırın kullanılarak agaroz tampon içerisinde çözündürülmüştür. Jel sıcaklığı 50 °C civarına düştükten sonra 2,5 µL 20 000X RedSafe (JH Science, ABD) jel içine eklenerek karıştırılmıştır. Hazırlanan jel elektroforez tankının (Thermo, ABD) (Şekil 3.6) içine dökülmüş ve taraklar yerleştirilerek katılaşmaya bırakılmıştır. Jel katılaşıp taraklar alındıktan sonra

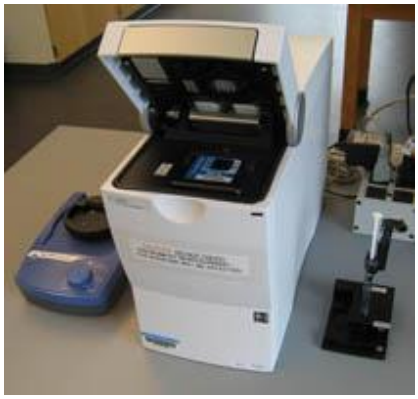
10 µL saflaştırılmış RNA örneği 2 µL 6X Loading Dye (Thermo Fisher Scientific, ABD) ile karıştırılarak kuyucuklara yüklenmiştir. Örnekler 50 V 10 mA elektrik akımı altında 30 dk yürütülmüştür. Daha sonra jel görüntüleme sistemi (Şekil 3.7) ile fotoğrafı çekilmiştir.



Şekil 3.6 RNA örneklerinin elektroforez ile yürütüldüğü elektroforez tankı



Şekil 3.7 Elektroforez sonrasında jel görüntüsünün alındığı görüntüleme sistemi



Şekil 3.8 RNA'ların daha hassas kalite tayinine olanak sağlayan Agilent 2100 Biyoanalizer cihazı

3.3.4 Biyoanalizör Analizi

Saflaştırılan RNA örneklerinin, dizileme için yeterli saflık ve kalitede oldukları Agilent 2100 Biyoanalizer (Agilent Technologies, Santa Clara, ABD) cihazı ile kontrol edilmiştir (Şekil 3.8). Analiz üreticinin önermiş olduğu protokole uygun olarak aşağıda bahsedilen basamaklardaki gibi uygulanmıştır:

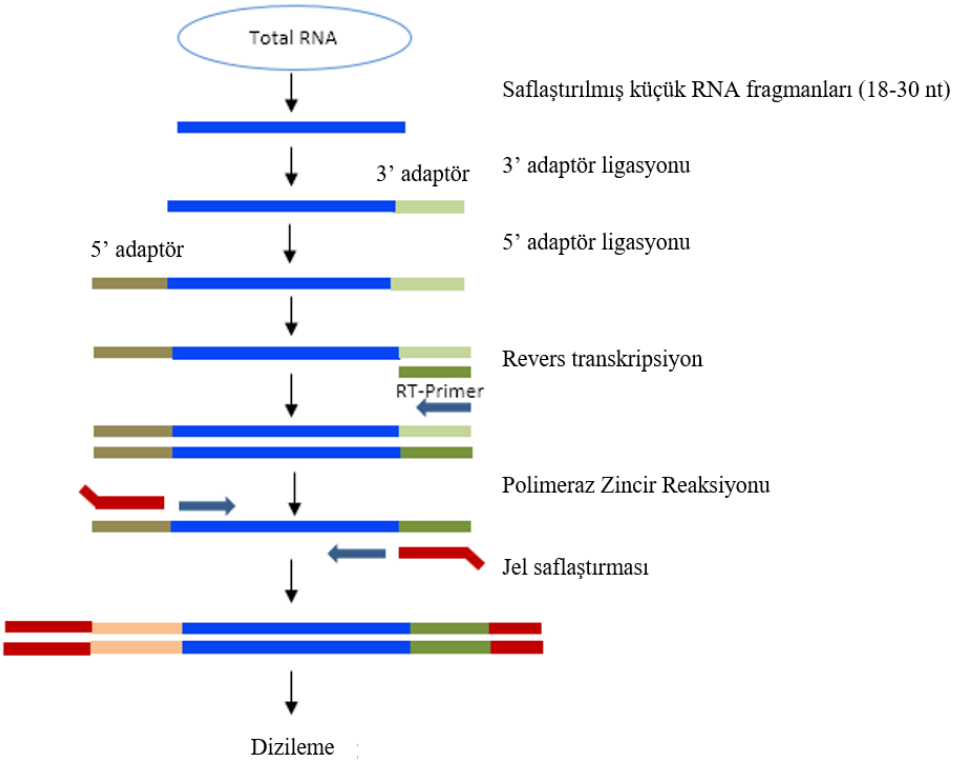
1. RNA Ladder hazırlanması: Kit ile sunulan stok RNA ladder, 70 °C'de 2 dakika inkübe edilerek denatüre edilmiş ve sürenin sonunda hemen buz üzerine alınmıştır. Daha sonra RNA ladder günlük kullanıma yeterli miktarlarda tüplere bölünerek (aliquot) -80 °C saklanmıştır. Kullanım esnasında derin dondurucudan çıkarılarak buz üzerinde erimesi sağlanmıştır.
2. RNA jel matrix hazırlanması: Kit ile sunulan stok 550 µL RNA jel matrix spin filter içine konularak 1500 g'de 10 dakika oda sıcaklığında santrifüj edilmiş ve günlük kullanım için tüplere 65 µL bölünmüş ve +4 °C'de saklanmıştır.
3. Jel-Boya karışımı hazırlanması: Kit ile sunulan stok RNA boyası oda sıcaklığında 30 dakika bekletilmiş ve daha sonra 65 µL RNA jel matrix üzerine 1 µL boya eklenmiştir. Karışım vortex ile karıştırıldıktan sonra 13.000 g'de 10 dakika santrifüj edilerek hazır hale getirilmiştir.
4. Yeni bir şırınga 1 mL seviyesine kadar çekildikten sonra chip priming station'a takılmıştır.
5. Yeni bir RNA çipi chip priming station'a yerleştirilmiştir. 9 µL jel-boya karışımı chip üzerinde belirtilen kuyucuğa yüklenmiş ve chip priming station kapatılmıştır.
6. Şırınga chip priming station üzerindeki klipse kadar bastırılmış ve klipse tutturulmuştur. 30 saniye beklendikten sonra şırınga klipsten kurtarılarak 5 saniye beklenmiş ve son olarak 1 mL seviyesine getirilmiştir.
7. RNA çipi, chip priming station' dan çıkarılarak belirtilen diğer 2 kuyucuğa daha 9 µL jel-boya karışımı eklenmiştir.
8. RNA marker hem RNA çipi üzerinde belirtilen kuyucuğa hem de örneklerin yükleneceği kuyucuklara 5 µL eklenmiştir.
9. RNA ladder çip üzerinde belirtilen kuyucuğa 1 µL eklenmiştir.
10. Örnekler kuyucuklara 1 µL eklenmiş ve RNA çipi IKA vortex'e yerleştirilerek ve 2400 rpm' de 1 dakika çalkalanmıştır.

11. Son olarak RNA çip Agilent 2100 Biyoanalizer'e yerleştirilerek analiz gerçekleştirilmiştir.

3.4 Kütüphanelerinin Kurulması ve Yeni Nesil Dizileme (NGS) İle Dizilenmesi

3.4.1 Kütüphanelerin Oluşturulması için Deneysel Akış

Buğday çeşitlerinden elde edilen miRNA'larca zengin total RNA örneklerinin miRNA dizileme işlemleri, BGI (Beijing Genomics Institute) şirketinden hizmet alımı ile gerçekleştirilmiştir. Dizileme çalışmaları sonucunda elde edilecek verinin miktar ve kalitesi, analiz esnasında yapılan her basamaktan (örneğin RNA izolasyonu, kütüphane oluşturulması ve dizileme) etkilemektedir. Nihayetinde ise, yapılacak biyoinformatik analizlerin kalitesine doğrudan etki etmektedir. Bu nedenle, güvenilir ve yüksek kalite veriler elde edilmesini temin etmek üzere, analizlerin her bir aşaması kalite kontrol süreçleri takip edilerek gerçekleştirilmiştir. miRNA dizileme çalışmaları ve ön hazırlıklarını gösteren bir deney akış şeması Şekil 3.9'da gösterilmiştir.



Şekil 3.9 miRNA dizileme çalışmaları ve ön hazırlıkları deney akış şeması

3.4.2 Derinlemesine miRNA (miRDeep) Dizileme için Kütüphanelerin Oluşturulması ve miRNA Dizileme

İlk olarak, Poliakrilamid Jel Elektroforezi (PAGE) yöntemi kullanılarak izole edilmiş miRNA'larca zengin total RNA örneklerinden, küçük RNA parçalarının saflaştırılması sağlanmıştır. PAGE sonrasında, 18-30 nükleotid uzunluğunda RNA fragmanlarını içeren bantlar jelden uzaklaştırılarak küçük RNA'lar saflaştırılmıştır. Elde edilen küçük RNA fragmanlarının 3' ve 5' uçlarına sırasıyla adaptör dizilerin (RA3: 5′-TGGAATTCTCGGGTGCCAAGG-3'; RA5: 5′-GUUCAGAGUUCUACAGUCCGACGAUC-3') ligasyonu sağlanmıştır. Daha sonra, 3' adaptör spesifik RT-primerler (5′-GCCTTGGCACCCGAGAATTCCA-3') kullanılarak ters transkripsiyon reaksiyonu ile komplementer DNA (cDNA) sentezi yapılmıştır. Sonrasında, cDNA fragmanlarının indeks primerler (5′-CAAGCAGAAGACGGCATACGAGAT[6baz]GTGACTGGAGTTCCTTGGCAC CCGAGAATTCCA-3') kullanılarak PCR amplifikasyonu gerçekleştirilmiştir. İndeks primerler içerisinde yer alan 6 bazdan oluşan 48 farklı özgün dizi https://support-docs.illumina.com/SHARE/AdapterSeq/Content/SHARE/AdapterSeq/TruSeq/RNA/Small-RNA/TruSeqSmallRNA.htm web sayfası üzerinde listelenmiştir. PCR ürünleri yeniden PAGE ile ayrıştırılmış ve ardından jelden saflaştırılarak kütüphaneler oluşturulmuştur. Oluşturulan bu kütüphanelerin Agilent 2100 Bioanalyzer ve ABI StepOnePlus Real-Time PZR sistemleri kullanılarak kalite kontrol testleri yapılmış kütüphaneler dizileme için hazır hale getirilmiştir. Son olarak, Illumina HiSeq 2000 (Illumina Inc., ABD) cihazı ile miRNA'ların dizilemesi gerçekleştirilmiştir.

3.5 miRNA' ların Biyoinformatik Analizleri, Tanımlanmaları, Hedef Genlerin Belirlenmesi

3.5.1 Kütüphanelerin *In silico* Analizleri

Düşük kaliteli parçaların ayıklanması, adaptör-adaptör ligasyonu nedeniyle meydana gelen kontaminasyonun temizlenmesi ve adaptör/alıcı dizilerinin temizlenmesi sonrası her bir benzersiz dizi okumalarının oluşumu küçük RNA fragmanları olarak değerlendirilmiştir. Sonra kodlanmayan RNA' ların bozulmuş (degrede) parçalarını

sınıflandırmak için Rfam'de (http://www.sanger.ac.uk/software/Rfam) (Griffiths-Jones vd., 2005; Nawrocki vd., 2015) ve GenBank'da (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) mevcut olan kodlanmayan RNA' lar (rRNA, tRNA, snRNA, snoRNA) ile karşılaştırılmıştır.

SOAP (Short Oligonucleotide Analysis Package) analizi, miRNA ifade seviyelerini ve genom üzerindeki lokasyonlarını belirlemek için kullanılmıştır. *T. aestivum* türüne ait genom verileri "wheat genom database (http://blast.jcvi.org/euk-blast/index.cgi?project=tae1)" den indirilerek SOAP analizinde kullanılmıştır.

Bilinen miRNA' ları tanımlamak için miRBase 20.0'den (Griffiths-Jones vd., 2008) (http://www.mirbase.org) yararlanılarak tüm diziler araştırılmıştır. Bütün sRNA' lar ve miRBase' de bilinen miRNA'ların tanımlanmış ortologları SOAP 2.0 programı (Li vd., 2009) kullanılarak ifade edilmiş dizi parçaları (Expressed Sequence Taq-EST) taranmıştır.

Ayrıca bilinen miRNA ile dizilenen miRNA dizileri arasında en fazla üç nükleotit fark olmasına (Zuker, 2003) izin verilerek miRNA'lara ait öncül (pre-miRNA) dizileri belirlenmiştir. Bunun yanında belirlenen bütün olgun formdaki miRNA dizileri, buğdayın genomuna (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/11) karşı BLASTn (1e-20) yapılarak, RNA hairpin yapısını RNAfold programı (http://mfold.rit.albany.edu/?q=mfold/RNA-Folding-Form) kullanılarak yapıları tahmin edilmiştir.

Ayrıca, miRNA' ları belirlemek ve fonksiyonel analizlerini gerçekleştirmek için, miRDeepFinder programı (Xie vd., 2012) bahsedilen analizlere alternatif olarak kullanılmıştır. miRDeepFinder, miRNA' ların sınıflandırılmasında, pre-miRNA yapılarının belirlemesinde, hedef gen analizlerinde, ifade profilerinin ortaya çıkarılmasında ve gen ağı analizlerinin tespit edilmesinde kullanılmıştır.

Diğer taraftan, yukarıda bahsedilen analizler aracılığıyla gerçekleştirilen haritalama sonucunda, genomda herhangi bir bölgeye karşılık gelmeyen soluble RNA (sRNA) dizileri, buğday genomuna BLASTn edilmiş ve literatürde bir dizinin miRNA olarak kabul edilebilmesi için gereken kriterler (Allen vd., 2004) gözönüne alınarak, ilgili

dizilerin katlanmış ikincil yapısı belirlenmiştir. Böylece miRNA' ların kendine özgü karakterleri gözönüne alınarak, ilgili diziler yeni (novel) miRNA olduğu tahmin edilmiş ve potansiyel miRNA adayı olarak belirlenmiştir. Bu analize alternatif olarak BGI (Beijing Genomiks Enstitüsü) tarafından geliştirilmiş olan MIREAP (MicroRNA Discovery By Deep Sequencing) programının varsayılan parametreleri kullanılarak bütün potansiyel yeni (novel) miRNA'lar tahmin edilmiştir.

3.5.2 Kuraklık ile İlişkili miRNA' ların Belirlenmesi

Kontrol ve kuraklık stresine maruz bırakılmış örneklerin, miRNA ifade profilleri karşılaştırılarak, kuraklık ile ilişkili miRNA'ların ve genom düzeyindeki ifade seviyeleri tespit edilmiştir. Bu analizin gerçekleştirilmesinde iki kriter göz önüne alınmıştır:

i) miRNA ifade seviyesine ait p (probability) değeri 0,01 (p-value <0,01) olmalıdır.

ii) Stres uygulanmış ve kontrol grubu örnekleri arasında normalize edilmiş miRNA sayılarına ait değişim katsayısı ve ya log2 değerinin 1' den büyük ya da -1 den az olmalıdır.

Bu bağlamda miRNA'lara ait okuma sayılarının frekansları milyonda transkript (TPM= transcript per million) olarak normalize edilmiştir. Buna göre kontrol ve kuraklık uygulaması yapılmış örneklerin arasındaki ifade seviyelerini tespit etmek için normalizasyon işlemi aşağıdaki formüle göre gerçekleştirilmiştir:

$$\text{Normalizasyon formülü} = (\text{Gerçek miRNA sayısı} / \text{temizlenmiş total okuma sayısı} \times 10^6) \quad (3.1)$$

Sonrasında, normalize edilmiş ifade değeri, kontrol ve kuraklığa maruz bırakılmış grupta yer alan örneklerin miRNA p değerleri ve değişim kat sayılarının hesaplanması için kullanılmıştır. Buna göre de:

$$\text{Değişim katsayısı} = (\log2 \text{ kuraklık stres örneği} / \text{kontrol örneği}) \quad (3.2)$$

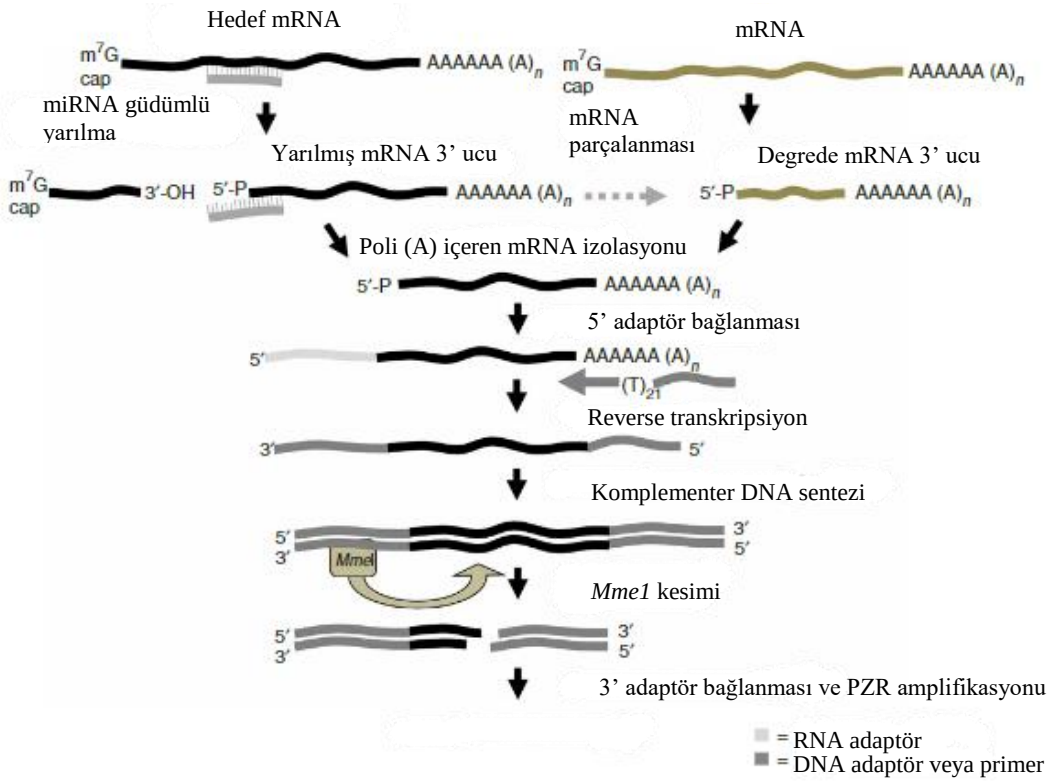
değerleri baz alınarak hesaplanmıştır.

3.5.3 Degradom Kütüphaneleri Aracılığı İle Hedef Genlerin Belirlenmesi

Degradom dizileme; miRNA'lara ait hedef genlerin belirlenmesinde faydalanılan, modifiye edilmiş 5'RACE, yüksek hacimli derinlemesine dizileme ve biyoinformatik araçların bir arada kullanıldığı faydalı bir yöntem olarak öne çıkmaktadır. Degradom kütüphaneleri yardımıyla miRNA hedef genlerinin belirlenmesi literatürde açıklandığı gibi yapılmıştır (German vd., 2009). Yöntemin ana basamakları kısaca aşağıda açıklanmış ve Şekil 3.10'da gösterilmiştir.

1. İzole edilmiş total RNA içerisinden poly(A) kuyruğuna sahip degrede olmuş ve miRNA'lar aracılığıyla yarılmış (cleavaged) olan RNA molekülleri ekstrakte edilmiş ve agaroz jel elektroforezi ile RNA bütünlüğü kontrol edilmiştir.
2. Poly(A) kuyruğa sahip bu RNA moleküllerine T4 RNA ligaz enzimi aracılığı ile 5'-RNA adaptör ligasyonu sağlanmıştır. Bağlanmamış adaptör molekülleri uzaklaştırmak için, özel bir kit kullanılarak poly(A) kuyruğa sahip RNA'lar saflaştırılmıştır.
3. Saflaştırma sonrasında, oligo (dT) içeren 3'-DNA adaptör primerler kullanılarak tek zincirli komplementer DNA sentezi gerçekleştirilmiştir.
4. Sentezlenen cDNA, 5'-adaptör primer ve 3'-adaptör primer kullanılarak 5 döngülük kısa bir PZR reaksiyonu gerçekleştirilmiştir. PZR sonrasında özel bir kolon yardımıyla PZR ürünleri temizlenmiştir.
5. Tip IIS restriksiyon enzimi olan *Mme*I kullanılarak, enzimin tanıma bölgesinin 3' yönünde 20 nt uzağından kesim yapılmıştır.
6. %12'lik PAGE yardımıyla enzim kesim ürünleri saflaştırılarak ve jelden geri kazanılmıştır.
7. Jelden saflaştırılan fragmanlara 3'-çift zincir DNA adaptörünün ligasyonu sağlanmıştır.
8. %12'lik PAGE ile ligasyon ürünleri saflaştırılarak jelden geri kazanılmıştır.
9. Jelden saflaştırılan ligasyon ürünleri PZR ile çoğaltılmıştır.
10. %12'lik PAGE ile PZR ürünleri saflaştırılarak jelden geri kazanılmıştır.
11. Jelden saflaştırılan PZR ürünleri yeni nesil dizileme teknolojisi yardımıyla dizilenmiştir.

12. Adaptör diziler ve düşük kalitedeki okumalar, analiz için veriden uzaklaştırılmıştır. Daha sonra, CleaveLand (v2.0) programı (Addo-Quaye vd., 2009) yardımı ile 20 ya da 21 nükleotid uzunluğundaki diziler potansiyel olarak parçalanmış hedef gene ait diziler olarak belirlenmiş ve buğday genom veri tabanlarından ve NCBI veri tabanında bulunan buğdaya ait EST ve mRNA dizilerine BLASTn yapılmıştır. Sadece mükemmel eşleşme gösteren gen parçaları aday hedef gen olarak değerlendirilmiştir



Şekil 3.10 Degradome dizileme yönteminin şematize gösterimi

3.5.4 Biyoinformatik Programlar Aracılığıyla miRNA Hedef Genlerinin Belirlenmesi

miRNA hedef genlerini ortaya çıkarmak üzere, degradom kütüphanelerinin kullanımının yanında miRU (http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/) veri tabanında e-value değeri $1e^{-10}$ baz alınarak ya da NCBI veri tabanında yer alan buğdaya ait EST ve cDNA dizilerine BLASTn yapılmıştır.

3.5.5 GO (Gene Ontology) ve MapMan Site of Analysis ile Yolak Analizleri

Blast2GO (Conesa vd., 2005) programı yardımıyla, belirlenen miRNA hedef genlerinin ontoloji ve fonksiyon analizleri gerçekleştirilmiştir. Blast2GO programına ilk olarak belirlenen hedef genlere ait diziler yüklenmiş ve e değeri $1e^{-06}$ olacak şekilde BlastX yapılmıştır. Analiz sonunda; sekans uzunluğu, gen adı, e değeri, benzerlik oranı, GenBank ve Uniprot ulaşım numaraları elde edilmiştir. Daha sonra, Gen Ontoloji analizleri (.dat file) uzantılı dosya kullanılarak blast sonuçlarına göre ortaya çıkarılmıştır. Son olarak, miRNA hedef genlerinin fonksiyonları; GO sınıflandırmasına göre biyolojik işlevler, hücresel içerik ve moleküler fonksiyonlar altında katagorize edilerek belirlenmiştir.

Ayrıca web tabanlı MapMan Site of Analysis (http://mapman.gabipd.org/) yardımıyla, farklı ploidi seviyelerine sahip buğday türlerinde kuraklık stresi ile ilgili moleküler mekanizmaların daha iyi anlaşılması için miRNA hedef genlerinin yolak analizi yapılmıştır.

3.6 miRNA' ların ve Hedef Genlerin Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR ile İfade Analizleri

3.6.1 RNA Örneklerinin Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR Analizleri için Hazırlaması

3.6.1.1 Total RNA İzolasyonu

qRT-PZR analizlerinde kullanılmak üzere ihtiyaç duyulan total RNA, miRNA dizilemesi için izolasyonun gerçekleştirildiği aynı buğday örneklerinin kök ve yaprak dokularından Trizol (Invitrogen) kimyasalı kullanılarak yapılmıştır. Kısaca,

1. 100 mg bitki dokusu örneği sıvı azot kullanılarak ezilmiş ve 2 ml'lik steril tüplere alınmıştır.
2. Tüplere 1 mL TRIzol reaktifi eklenerek vortex ile homojenize edilmiştir.
3. Homojenize edilen örnekler 45 dk oda ısısında çalkalayıcıya bırakılmıştır.

4. Sürenin sonunda tüplere 200 µL kloroform eklenmiş, 15 sn kuvvetlice sallanarak karışması sağlanmış ve 3 dk oda ısısında bekletilmiştir.
5. Daha sonra, +4 °C sıcaklık ve 20 000 g'de 20 dk santrifüj edilmiş ve üstteki sıvı faz, dikkatlice çekilerek yeni bir steril tüpe aktarılmıştır.
6. Yeni tüpe 1:1 oranında %100'lük soğuk isopropanol eklenmiş ve 15-20 sn tüp hafifçe sallanarak karıştırılmış ve -20 °C'da 1 saat bekletilerek RNA'nın çökelmesi sağlanmıştır.
7. Süre sonunda, +4 °C sıcaklık ve 20 000 g'de 10 dk santrifuj edilmiştir. Süpernatant uzaklaştırıldıktan sonra, RNA çökeltisi üzerine 1 mL %70'lik soğuk etanol eklenerek, RNA pelleti bir kez yıkanmıştır.
8. Yıkama sonrası, 4 °C sıcaklık ve 10.000 g'de 5 dk santrifuj edilerek ethanol uzaklaştırılmıştır.
9. RNA çökeltisi oda sıcaklığında 5-10 dk kurumaya bırakılmış ve sonra RNA 30 µL distile su içerisinde 55-60 °C de 10 dk bekletilerek çözülmüştür.
10. İzole RNA'ların %1'lik agaroz jel elektroforezi ile bütünlükleri; MultiscanGO nanospektrofotometresi ile de konsantrasyon ve saflıkları kontrol edilmiştir.
11. Son olarak, olası DNA kontaminasyonunun önüne geçmek üzere, DNaz I muamelesi gerçekleştirilmiştir. Tablo 3.1' de DNaz I uygulaması kısaca özetlenmiştir.

3.6.1.2 İzole RNA'ların Konsantre Edilmesi

Sodyum asetat ile çökeltme işlemi yapılarak RNA örneklerinin konsantrasyonu arttırılmıştır. Kısaca, tüplerdeki RNA örneklerinin hacimleri ölçüldükten sonra, tüpteki konsantrasyonu 0.3 M olacak şekilde sodyum asetat (3M, pH=5.2) solusyonu tüplere eklenmiştir. Sonra, yine son konsantrasyonu % 70 olacak şekilde tüplere % 100 soğuk etanol eklenmiştir. Tüpler -20 °C' de bir gece inkübasyona bırakıldıktan sonra, +4 ºC sıcaklık ve 21.000 g'de 30 dakika santrifüj yapılmıştır. Süpernatant dikkatlice uzaklaştırıldıktan sonra, %70'lik soğuk etanol eklenerek, RNA pelleti bir kez yıkanmış ve oda sıcaklığında 21.000 g' de 5 dk santrifüj yapılmıştır. Son olarak tüplerden etanol uzaklaştırldıktan sonra, tüplerin içinde sıvı kalmaması için tüpler 10 dakika ağzı açık bir şekilde oda sıcaklığında bekletilmiştir. RNA pelleti üzerine 20µL

DEPC' li su eklenmiş, sonra 65 °C' de 5 dk inkübasyona bırakılmış ve çözünmeleri sağlanmıştır.

3.6.1.3 Komplementer DNA Sentezi

İzole edilen RNA'lardan, Thermo Scientific Fermentas'ın RevertAid First Strand cDNA Synthesis Kit'i kullanılarak ve üreticinin protokolüne göre cDNA sentezi gerçekleştirilmiştir. Buna göre, 1 µg toplam RNA 0.2 mL steril PCR tüpüne alındıktan sonra üzerine 1 µl oligo (dT) primer (100mM) eklenmiş ve nükleaz içermeyen DEPC'li distile su ile son hacim 12 µl'ye tamamlanmıştır. Tüpler 65 °C'de 5dk inkübe edildikten sonra buz üstüne alınmıştır. Daha sonra, 4 µl 5x M-MuLV reaksiyon tamponu, 1 µl RiboLockTM (20 u/µl) (Fermentas, ABD), 2 µl 10 mM dNTP karışımı ve 1 µl M-MuLV RT (200 u/µl) tüplere eklenerek, PZR cihazında 42 °C'de 1 saat ile cDNA sentezi reaksiyonu gerçekleştirilmiştir. Ardından Ters transkriptaz denatürasyonu için 70 °C'de 5 dakika bekletilen cDNA örnekleri buz üzerinde soğutulduktan sonra RT-PCR çalışmalarına kadar -80 °C'de saklanmıştır.

3.6.2 Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR Analizleri

Tez çalışması kapsamında farklı ploidiye sahip buğday çeşitlerinde kontrol ve kuraklık stresi uygulanan kök ve yaprak dokularında belirlenen miRNA ve onların hedef genlerin ifade seviyelerindeki değişiklikler Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR ile kontrol edilmiştir. miRNA dizilenmesi sonucunda önceden tanımlanmış ve yeni tespit edilen miRNA'lar ile bunların hem degradom hem de biyoinformatik yollar ile belirlenen hedef genlerinin ifade seviyeleri SYBR Green I reaksiyonu kullanılarak Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR ile belirlenmiştir.

3.6.3 miRNA' ların qRT-PZR Analizleri

miRNA' ların doğrulanmasında Stem-Loop qRT-PZR metodu kullanılmıştır (C. Chen vd., 2021). 3 buğday çeşidinin yaprak ve kök dokularından alınan ve dizilemeye de gönderilen aynı örneklerden izole edilen 1µg total RNA, her bir miRNA için 4 farklı koşul tüpü oluşturularak DNase-I (Thermo Scientific, ABD) muamelesine tabii tutulmuştur. Bu koşullar sırası ile reverse transkriptaz enzimi olmayan (No-RT),

kaynak RNA olmayan (No-Template), saç tokası primerleri içermeyen (No-Stem Loop Primers) ve Stem-Loop qRT-PZR için gerekli olan tüm malzemeleri içeren (null) tüpler şeklinde dizayn edilmiştir. DNaz uygulamasından sonra her bir koşul için Bio-RAD cDNA Synthesis Kit kullanılarak cDNA sentezi gerçekleştirilmiştir. cDNA sentezinden sonra, seri dilüsyon ile seyreltilen örnekler oluşturulmuştur. Son olarak, sentezlenen cDNA ile SYBR Green Mastermix (Roche, Almanya) kullanılarak LightCycler 480 II (Roche, Almanya) cihazı ile 95 °C'de 5 dakika başlangıç denatürasyonunu takip eden 45 döngü halinde 95 °C'de 10 saniye ve 60 °C'de 30 saniye olarak qRT-PZR reaksiyonu ve ardından 50-95 °C aralığında 1 °C artımla erime eğrisi (melting curve) analizi tamamlanmıştır. Sonuçlar $2^{-\Delta\Delta Ct}$ metodu kullanılarak analiz edilmiştir (Schmittgen ve Livak, 2008). Tablo 3.2'de belirtilen primer çiftleri kullanılarak hem miRNA' ların hem de bunların ifade seviyelerindeki farklılıklar incelenmiştir. Primerlerin T^m, %GC ve ΔG değerleri de incelenerek uygunluğu kontrol edilmiştir. Primerlerin türe özgünlükleri ve tasarlanan tüm primerlerin hedef genlere ait olup olmadıkları NCBI web sitesinde bulunan web tabanlı PRIMER-BLAST programı aracılığıyla kontrol edilmiştir (Ye vd., 2012).

3.6.4 Hedef Genlerin qRT-PZR Analizleri

Sentezlenen cDNA içerisindeki istenilen hedef genlerin ifadesinin belirlenebilmesi için 5 µl SYBR Green Mastermix (Roche, Almanya), 2 µl ileri, 2 µl geri primerlerle (her birinden 2 mM) karıştırıldıktan sonra üzerine 1 µl cDNA (1:10 oranında seyreltilmiş) eklenmiştir. 95 °C'de 10 dakika başlangıç denatürasyonunun ardından, 94 °C'de 10 saniye denatürasyon, 54 °C'de 20 saniye bağlanma ve 72 °C'de 10 saniye uzatma aşaması 55 kez tekrarlanırken, her döngünün bağlanma aşamasından sonra meydana gelen floresan ışıma LightCycler 480 II (Roche, Almanya) cihazı ile belirlenmiştir (Şekil 3.10). Ölçümler her bir örnek için üç tekrar olarak gerçekleştirilmiştir.

3.6.5 İnternal Kontrol Genin Belirlenmesi

Hedef genlerin ifade analizlerinin hesaplanmasında kullanılmak üzere, farklı internal kontrol genleri belirlenerek, bunların ifade analizleri farklı koşullardaki örnek ve

dokular kullanılarak test edilmiştir. Literatür taraması ile *18srRNA, β-Actin* ve *GAPDH* internal kontrol aday genler olarak belirlenmiştir. Bu aday internal kontrol genlerine ait primerler Tablo 3.3' de gösterilmiştir. Daha sonra, Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez çeşitlerinin yaprak ve kök dokularından alınan doku örneklerinden izole edilen total RNA'dan sentezlenen cDNA ile SYBR Green Mastermix (Roche, Almanya) kullanılarak LightCycler 480 II cihazı ile 95 °C'de 5 dakika başlangıç denatürasyonunu takip eden 45 döngü halinde 95 °C'de 10 saniye ve 60 °C'de 30 saniye olarak qRT-PZR yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar NormFinder (Andersen vd., 2004) ve BestKeeper (Pfaffl vd., 2004) algoritmaları ile analiz edilmiştir. Algoritmalar kullanılarak yapılan analizler sonucunda tüm örneklerde (Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez), tüm şartlarda (kontrol ve kuraklık stresi koşullarında) ve tüm dokularda (yaprak ve kök) en stabil gen *GAPDH* olarak tespit edilmiştir.



Şekil 3.11 Roche LightCycler 480 II qPCR cihazı

3.6.6 İnternal Kontrol Genin Belirlenmesi

Hedef genlerin ifade analizlerinin hesaplanmasında kullanılmak üzere, farklı internal kontrol genleri belirlenerek, bunların ifade analizleri farklı koşullardaki örnek ve dokular kullanılarak test edilmiştir. Literatür taraması ile *18srRNA, β-Actin* ve

Tablo 3.2 miRNA' ların ve hedef genlerin ifade analizlerinde kullanılacak olan primer setleri

	Primer isimleri	**Dizi (5'-3')**
1	miR9664-3p-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACCTACGA
2	miR9664-3P-F	GCGGCGTTGCAGTCCTCGATG
3	T9664_2044980-F	CGGCTACATGTCGAGCAAGA
4	T9664_2044980-R	GAAGGTGTTGGGGTCGTCAA
5	T9664_2045350-F	TTTCTGAGTACTGTCGCCCG
6	T9664_2045350-R	CTACTTGGACACTCAGGCGG
7	T9664_0276480-F	TTCCAGCTAACCAACGCAGG
8	T9664_0276480-R	GAACGGAGGGAGTACAAGCA
9	miR167c-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACGCAGAT
10	miR167c-F	GCGGCGTGAAGCTGCCAGCATG
11	T167c_1530460-F	TCAAAGCAGGCACCCCATAC
12	T167c_1530460-R	TACGCAGAATGTCCAGCCAA
13	T167c_1555050-F	GAGTTCACGACGGAGGACG
14	T167c_1555050-R	GTAGCAACACCCCTTGGTCG
15	T167c_1894090-F	GCAAGGTTGGGGTCTCCTTT
16	T167c_1894090-R	TGCAAGGGTATGGACGAACT
17	miR9672a-3p-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACGATGCT
18	miR9672a-3p-F	CGGCGGCCACGACTGTCATTA
19	T9672a_492770-F	CTGCTGGAGAACGTGTTTGC
20	T9672a_492770-R	ATCGACAAAACTAGGGGCGG
21	T9672a_1833530-F	ATGGTGCTCAAGGACATCGG
22	T9672a_1833530-R	TACTACGCCTGCATGCTCTG
23	T9672a_1944290-F	GAGCAAATCCAACGCACGAA
24	T9672a_1944290-R	AAAACGCCGCTCTCACTGTA
25	Novel_16009-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACGGGAAG
26	Novel_16009-F	TCGCTTAATGCAACACGAGGA
27	miR5048-5p-F	GCGGCGGTTTGCAGGTTTTAGGT
28	miR5048-5p-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACACTTAG
29	T5048_783320-F	GAGCGCGAGTTCATTTGTTATC
30	T5048_783320-R	CTGACGACAGTTCTCGACTATG
31	T5048_439840-F	AAGAGCCTGTGTGGTGTGTG
32	T5048_439840-R	AAAGGAGTTGGACGGCTCATC
33	T5048_1621120-F	TACTGCTGAACTTGCCGAGG
34	T5048_1621120-R	AGAGGAAGGCTGTGAAGTGC
35	miR156-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACGTGCTC
36	miR156-F	GCGGCGGTGACAGAAGAGAGT
37	T156_1285110-F	CGTGACTCAGCGTGAGCAAA
38	T156_1285110-R	AAAACGCTCGTAGGGACTGG
39	T156_1396830-F	GCTGGCGTTAAAGGGTGAAC
40	T156_1396830-R	CATACTGCATAGCGGGAGGG
41	T156_1539460-F	GCCAGCCATTGCAAAAGGAC
42	T156_1539460-R	CCAGTCTGCTGTGCTCATGT
43	miR159a-RT	GTCGTATCCAGTGCAGGGTCCGAGGTATTCGCACTGGATACGACTAGAGC
44	miR159a-F	CGGCGGTTTGGATTGAAGGGA
45	T159a_AA_466-F	TCTACAATGGTGCAGGCAGG
46	T159a _AA_466-R	CTTGCAGGTTGGCTGAACAC
47	T159a _AA_6495-F	GGCGTACTCTCTCTTGCTGA
48	T159a _AA_6495-R	AGTACGAACCCAGCACACAA
49	T159a _AA_893720-F	CGTTACTGCTTTTCTGGCGT
50	T159a _AA_893720-R	CGAACCCAGCACACAAACAA
51	Uni-R	GTGCAGGGTCCGAGGT

* miRNA' lar miR ile ve hedef genler T baş harfleri ile gösterilmiştir

GAPDH internal kontrol aday genler olarak belirlenmiştir. Bu aday internal kontrol genlerine ait primerler Tablo 3.3' de gösterilmiştir. Daha sonra, Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez çeşitlerinin yaprak ve kök dokularından alınan doku örneklerinden izole edilen total RNA'dan sentezlenen cDNA ile SYBR Green Mastermix (Roche, Almanya) kullanılarak LightCycler 480 II cihazı ile 95 °C'de 5 dakika başlangıç denatürasyonunu takip eden 45 döngü halinde 95 °C'de 10 saniye ve 60 °C'de 30

saniye olarak qRT-PZR yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar NormFinder (Andersen vd., 2004) ve BestKeeper (Pfaffl vd., 2004) algoritmaları ile analiz edilmiştir. Algoritmalar kullanılarak yapılan analizler sonucunda tüm örneklerde (Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez), tüm şartlarda (kontrol ve kuraklık stresi koşullarında) ve tüm dokularda (yaprak ve kök) en stabil gen *GAPDH* olarak tespit edilmiştir.

Herbir yükseltme eğrisi için eşik döngü sayısı (CT) değerleri hesaplanarak kalibrasyon eğrileri oluşturulmuştur. Normalizasyon için internal kontrol olarak *GAPDH* geni kullanılmıştır. Genlerin GAPDH'e bağıl oranları LightCyclerTM 480 SW 1.5.1 (Roche) programının etkinlik-düzeltilmiş ileri kuantifikasyon aracı ile belirlenmiştir.

Tablo 3.3 Aday internal kontrol genlerine ait primerler

	Primer isimleri	Dizi (5'-3')
1	18s rRNA-F	TCAACTTTCGATGGTAGGATAGTG
2	18s rRNA-R	CCGTGTCAGGATTGGGTAATTT
3	B-Actin-F	TACTCCCTCACAACAACCGC
4	B-Actin-R	CTCCTAGCCGTTTCCAGCTC
5	GAPDH-F	TTAGACTTGCGAAGCCAGCA
6	GAPDH-R	AAATGCCCTTGAGGTTTCCC

Gen ekspresyon düzeyleri *GAPDH* genine oranlanarak kontrol ile stres zaman periyodları birbirleri ile karşılaştırılmıştır. Ayrıca PZR ürünlerinin saflığı ve kontaminasyonun kontrol edilmesi için ürünler üzerine erime eğrisi (melting curve) analizi gerçekleştirilmiş ve ürünlerin saflıkları kontrol edilmiştir. Reaksiyon sırasında herhangi bir cDNA ya da DNA içermeyen kör reaksiyon tüpleri kullanılarak genomik DNA kontaminasyonu olup olmadığı da belirlenmiştir.

3.7 İstatistiksel Analiz

Aritmetik ortalamaları, standart sapmaları (SD) ve ortalamanın standart hataları (SEM) hesaplanan veriler ortalama ± SEM şeklinde ifade edilmiştir. Deney grupları arasındaki istatistiksel farklılığı belirlemek için tek yönlü varyans analiz (one-way ANOVA) testi uygulanmıştır. İstatistiksel analizlerde $p<0,05$, anlamlılık düzeyi olarak belirlenmiştir. İstatistiksel hesaplamalar ve karşılaştırmalar Minitab 17 paket programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1 Bitki Materyali ve Kuraklık Stresi Uygulanması

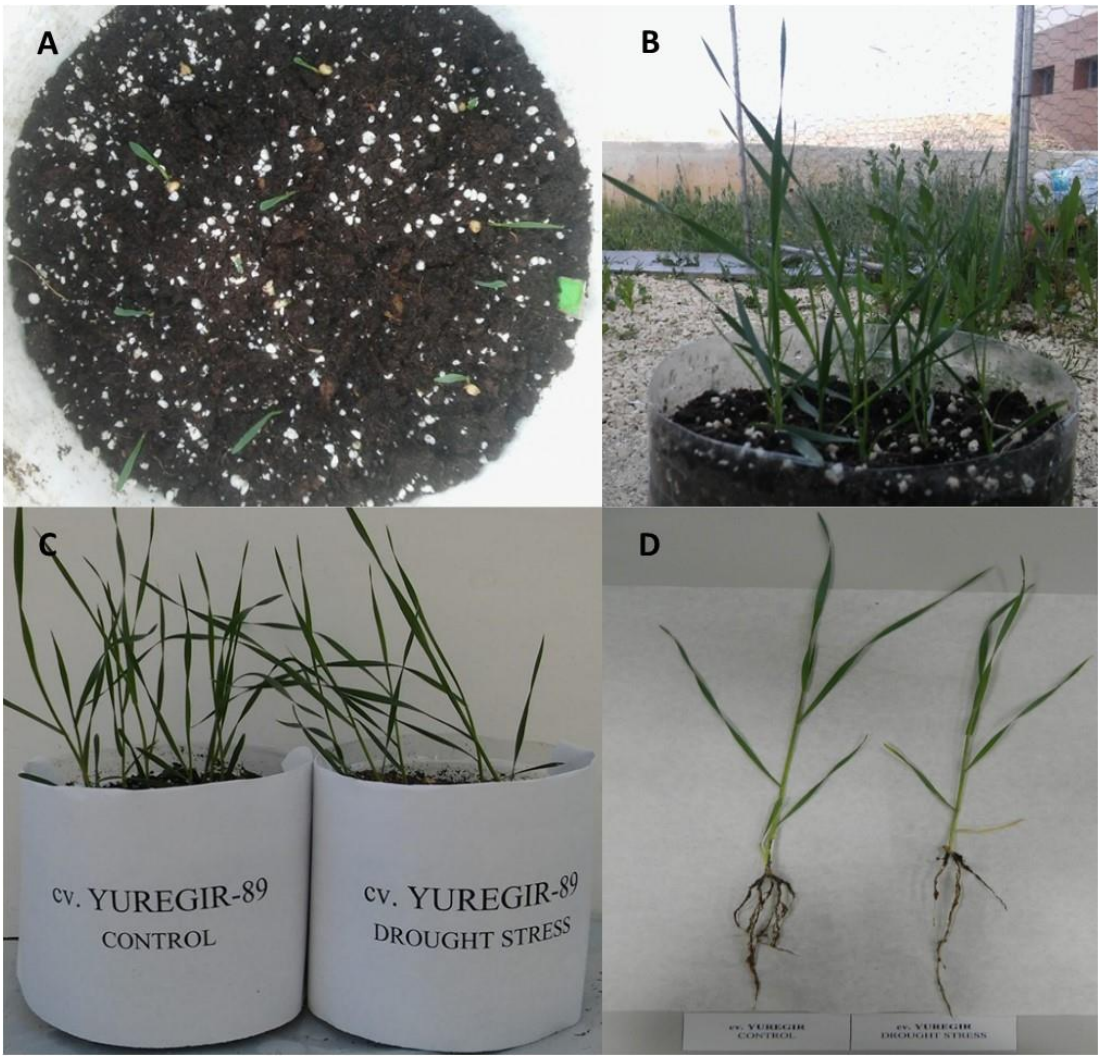
4.1.1 Bitkilerin Büyütülmesi ve Stres Uygulaması

Çalışmaya konu edilen buğday çeşitleri tarla koşullarına benzer sıcaklık ve ortam şartları altında yetiştirilmiştir. Bitkilerin yetiştirilmesinin yaklaşık 6. haftası sonunda, literatüre (Hackenberg vd., 2015; Ma vd., 2015b) uygun şekilde, uygulama boyunca bitkiler sulanmayarak kuraklık stresine maruz bırakılmışlardır. Bitkilerin suya erişememeleri nedeniyle solmaya başladıkları anda, yaprak ve köklerinden RNA izolasyonunda kullanılmak üzere örnekler toplanmıştır. Stres uygulamasının başında, her bir buğday çeşidine ait kontrol grubu saksılarının ağırlıkları ölçülmüş ve sulama kontrollü olarak sürdürülmüştür. Bunun yanında kuraklığa maruz bırakılan bitkilerin yer aldığı saksıların ağırlıkları da yine stres başlangıcında ölçülmüş ve uygulamanın sonunda bu saksılarda toprakta meydana gelen su kaybı belirlenmiştir.

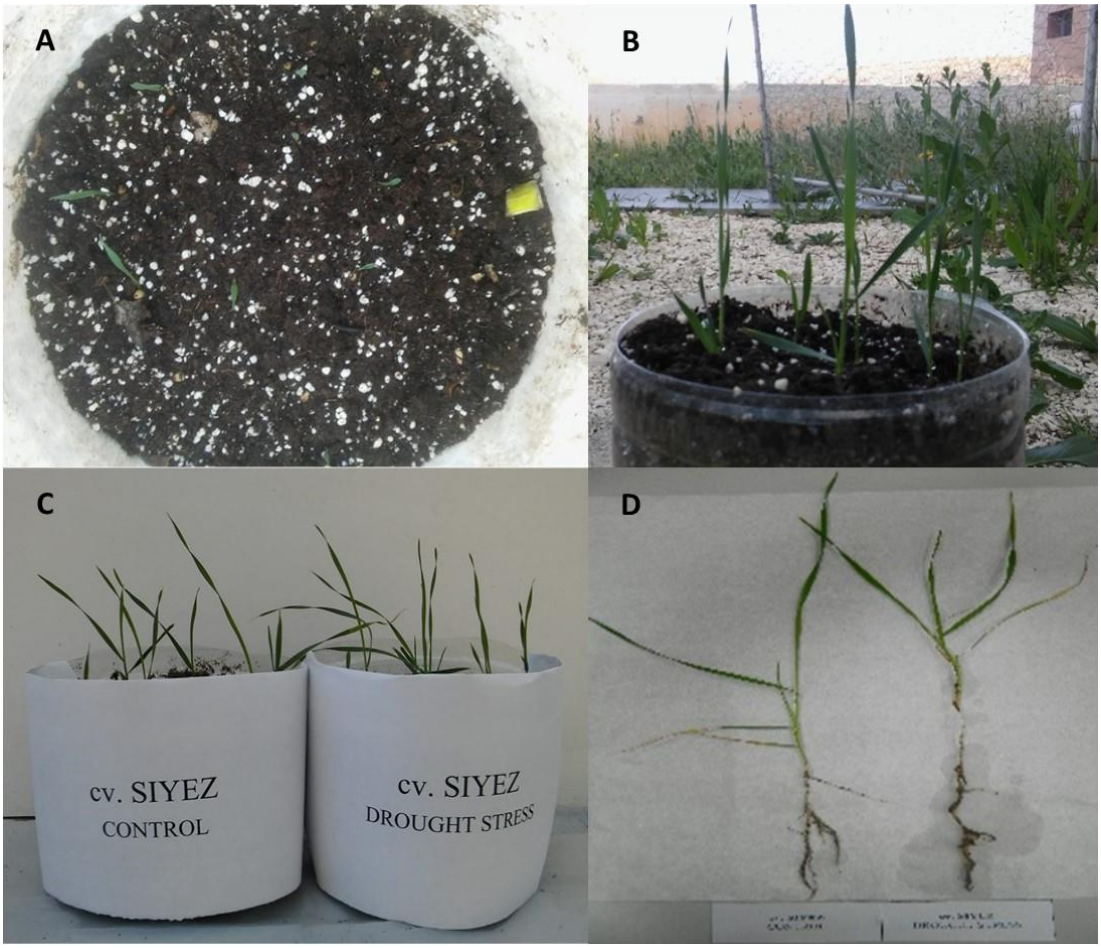
Yüreğir, Siyez ve Kızıltan'ın her biri için solma noktasını belirleyebilmek üzere, sıcaklık (Şekil 3.1), saksı ağırlığı ve toprağın su tutma kapasitesine ait veriler (Şekil 3.2, Şekil 3.3, Şekil 3.4), bitkilerin ekiminin yapıldığı tarihten stres uygulamasının sonuna kadar düzenli bir şekilde kaydedilmiştir. Bitkilerin yetiştirilmesi ve stres uygulaması prosedürünü tekrar etmek gerekirse; ilk olarak her bir buğday çeşitine ait yeterli miktarda örnek elde edilecek sayıda tohum saksılara ekilmiştir ve bütün tohumlar yaklaşık 1 hafta sonra çimlenmiştir. Bitkiler bir ay süresince büyütülmüş ve ekimden itibaren yaklaşık altıncı haftanın sonunda, kontrol grubu dışındaki bitkilere kuraklık stresi verilmeye başlanmıştır. Stres uygulanması süresince saksıların ağırlıkları her üç günde bir tartılarak kaydedilmiştir. Ağırlık değişimini standartize etmek üzere kuraklık stresi uygulamasının başlatıldığı gün tüm saksıların ağırlıkları su ile eşitlenmiştir. Stres uygulaması süresince kontrol grubu düzenli bir şekilde sulanırken, strese maruz bırakılan bitkilere su verilmemiştir. Bitkiler, stres uygulaması başladıktan sonraki 19. günde solma noktasına eriştiklerinde, her bir bitki grubundan yaprak ve kök örnekleri aynı gün toplanarak, RNA izolasyonu gerçekleştirilinceye kadar -80°'de saklanmıştır. Böylece kuraklık uygulaması bütün bitkiler için eşit sürede

tamamlanmıştır. Kuraklık stresinin ne zaman sonlandırılması gerektiği, Siyez çeşitine ait bireylerin durumu göz önüne alınarak belirlenmiştir. Stres uygulamasının başlangıcından itibaren 19. günde, Siyez çeşiti bitkilerin yapraklarının solmaya başladığı; bununla beraber Yüreğit-89 ve Kızıltan-91 çeşitlerinde ise yapraklardaki turgorun düştüğü gözlemlendiğinden kuraklık stresi sonlandırılmıştır.

Bitkilerin yetiştirilmesinin her aşaması yani tohumların ekiminden örneklerin toplanmasına kadar geçen süreç düzenli olarak takip edilmiş ve bu evrelerin tamamı Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 için sırasıyla Şekil 4.1, Şekil 4.2 ve Şekil 4.3'te gösterilmiştir.



Şekil 4.1 Yüreğir-89 çeşitine ait kontrol ve kuraklık stresi gruplarının çimlenme (A), büyüme (B), kuraklık stresi başlangıç (C) ve bitiş (D) aşamaları



Şekil 4.2 Siyez çeşitine ait kontrol ve kuraklık stresi gruplarının çimlenme (A), büyüme (B), kuraklık stresi başlangıç (C) ve bitiş (D) aşamaları

4.2 RNA İzolasyonu, Kalite, Saflık ve Konsantrasyon Analizleri

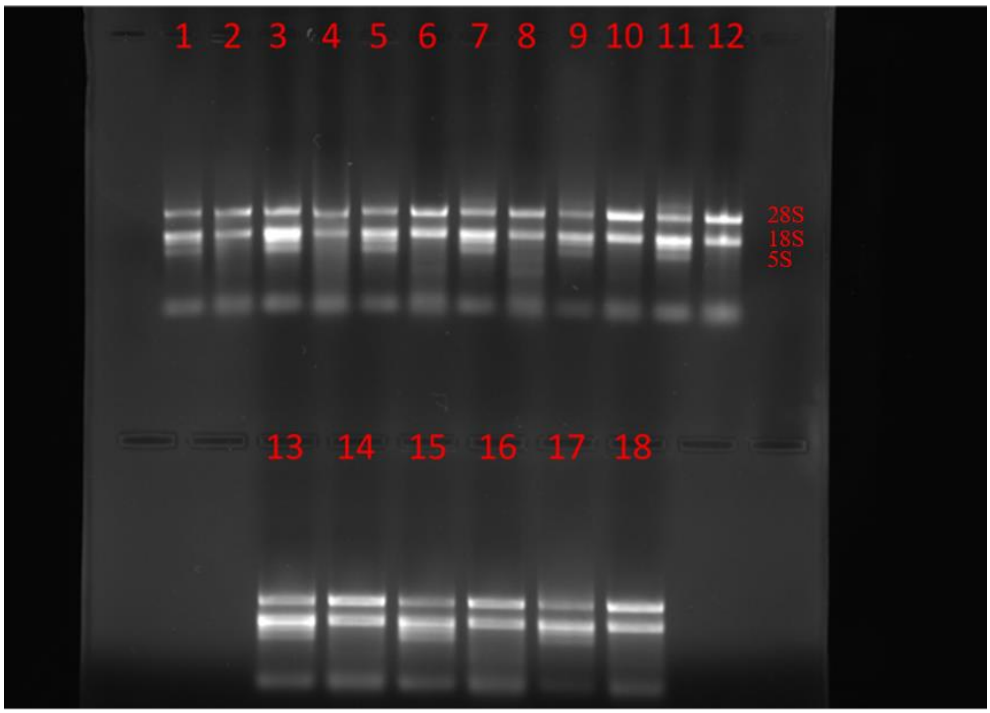
4.2.1 Küçük RNA'lar Bakımından Zengin RNA İzolasyonu

Triticum monococcum (Siyez), makarnalık buğday (*Triticum turgidum* cv. Kızıltan-91) ve ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* cv. Yüreğir-89) çeşitlerine ait yaprak ve köklerden alınan örneklerin RNA izolasyonları yapılmış, 260 ve 280 nm dalga boyunlarındaki absorbanslarına göre saflıkları ve konsantrasyonları belirlenmiştir. İzole edilen RNA'lara ait bilgiler, miRNA kütüphanelerinin oluşturulması için Tablo 4.1'de; degradome analizi için gerekli olan RNA bilgileri Tablo 4.2'de sunulmuştur.

RNA örneklerinin saflık ve miktar tayinlerinin yapıldığı spektrofotometrik ölçümlerin yanında, tüm RNA örnekleri agaroz jel elektroforezi yardımıyla kontrol edilmiş, 28S, 18S ve 5S rRNA bantlarının jelde bütünlüğünü koruduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.4).



Şekil 4.3 Kızıltan-91 çeşitine ait kontrol ve kuraklık stresi gruplarının çimlenme (A), büyüme (B), kuraklık stresi başlangıç (C) ve bitiş (D) aşamaları



Şekil 4.4 İzole RNA örneklerinin jel elektroforez görüntüleri. Örneklerin numaralandırılması Tablo 1 ve 2'ye göre yapılmıştır.

Tablo 4.1 miRNA dizilemeleri için RNA konsantrasyon ve saflık değerleri

Örnek No	Örnek Adı	Konsantrasyon (ng/µL)	260/280
1	Tt_CLeaf	210	2,2
2	Tt_CRoot	220	2,0
3	Tt_SLeaf	210	2,15
4	Tt_SRoot	250	2,0
5	Ta_CLeaf	200	2,15
6	Ta_CRoot	230	2,0
7	Ta_SLeaf	200	2,15
8	Ta_SRoot	225	1,9
9	Tm_CLeaf	190	2,1
10	Tm_CRoot	200	2,0
11	Tm_SLeaf	210	2,2
12	Tm_SRoot	220	2,05

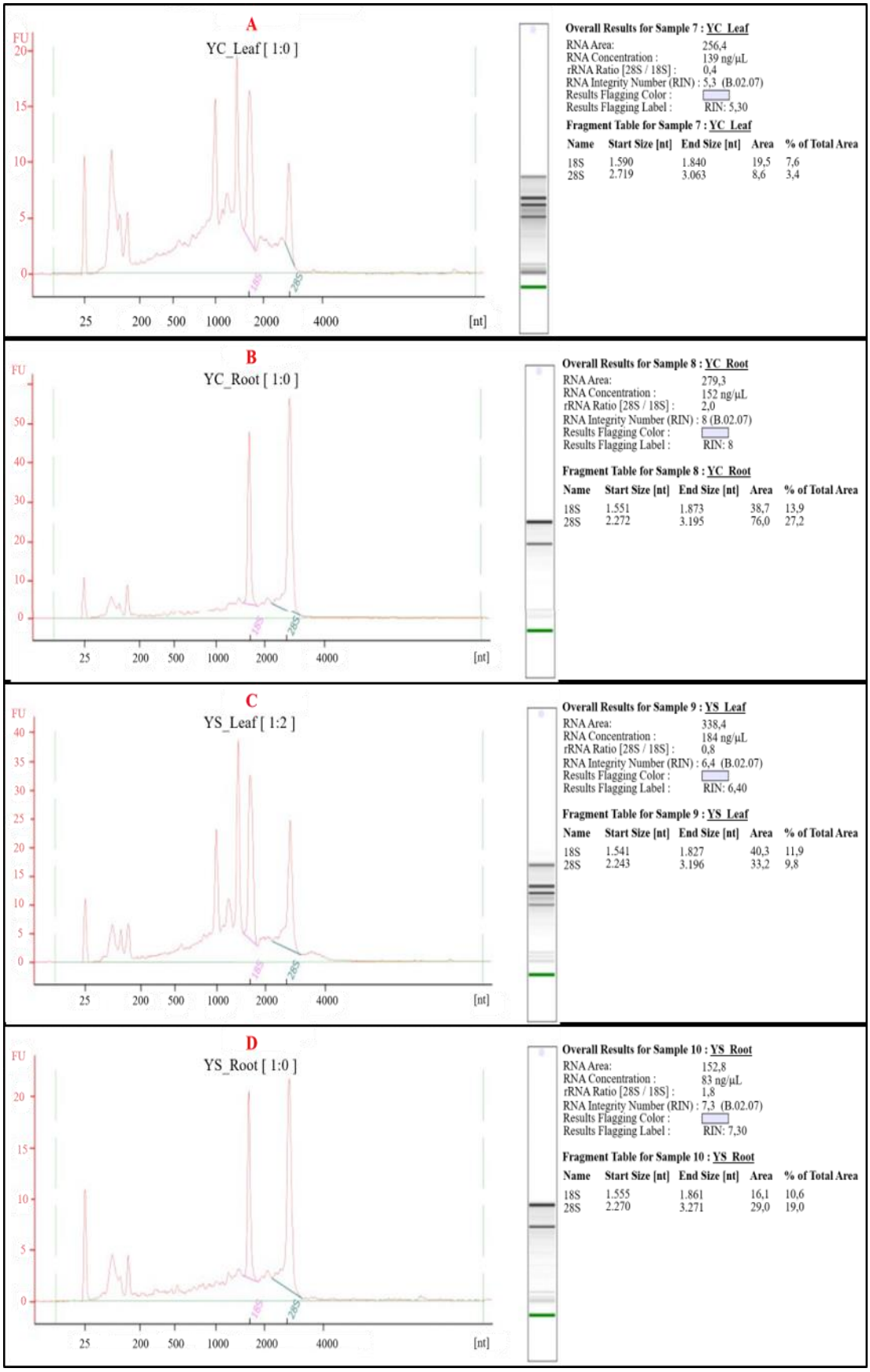
* Ta: *T. aestivum*; Tm: *T. monococcum*; Tt: *T. turgidum*; CLeaf: Kontrol yaprak örnekleri; CRoot: Kontrol kök örnekleri; SLeaf: Stres verilmiş yaprak örnekleri; SRoot: Stres verilmiş kök örnekleri

Tablo 4.2 Degradom analizleri için RNA konsantrasyon ve saflık değerleri

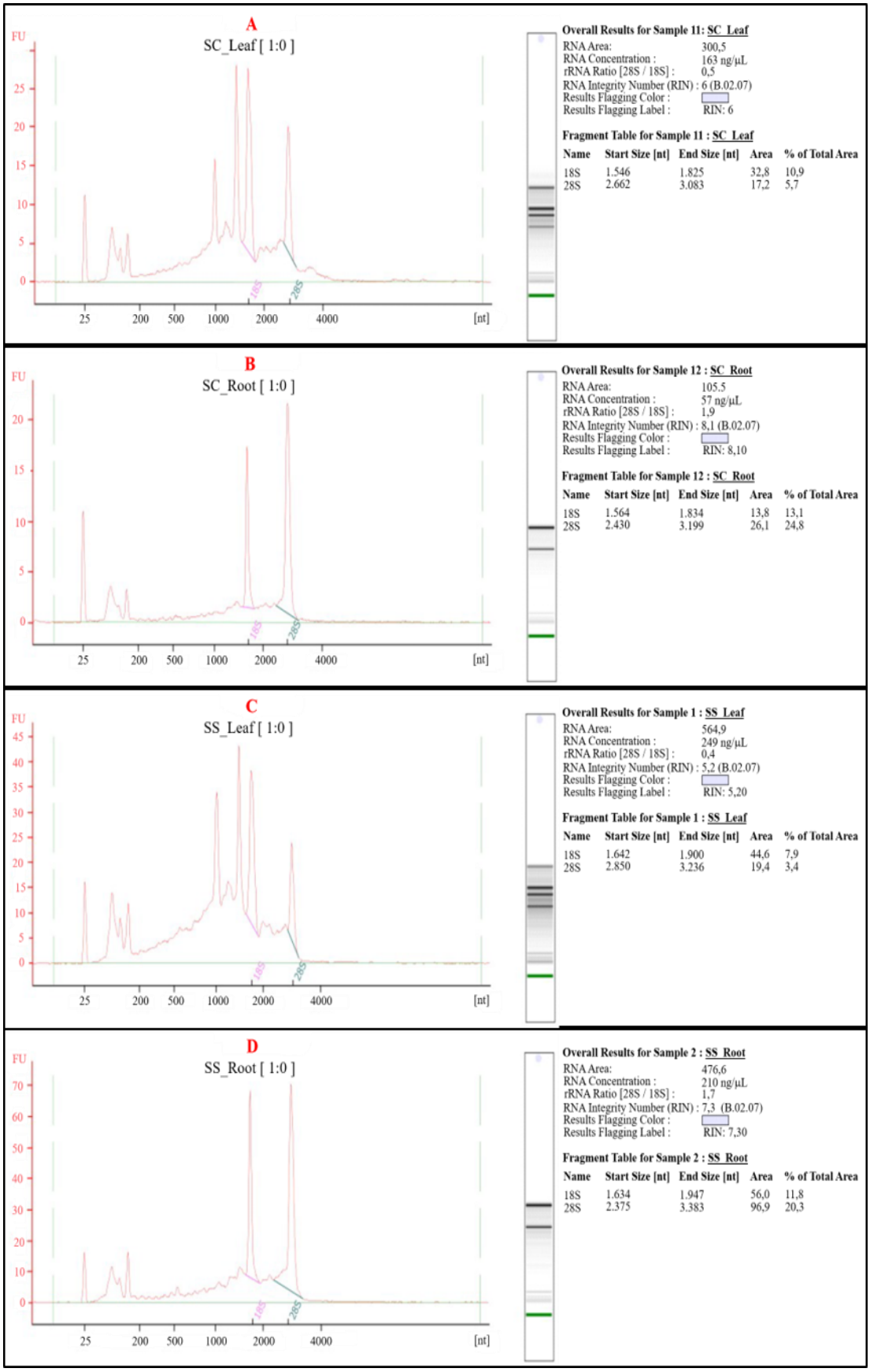
Örnek No	Örnek Adı	Konsantrasyon (ng/µL)	260/280
13	Tt_CLeaf	210	2,2
14	Tt_CRoot	220	2,0
15	Ta_CLeaf	200	2,15
16	Ta_CRoot	230	2,0
17	Tm_CLeaf	190	2,1
18	Tm_CRoot	200	2,0

4.2.2 Biyoanalizör Sonuçları

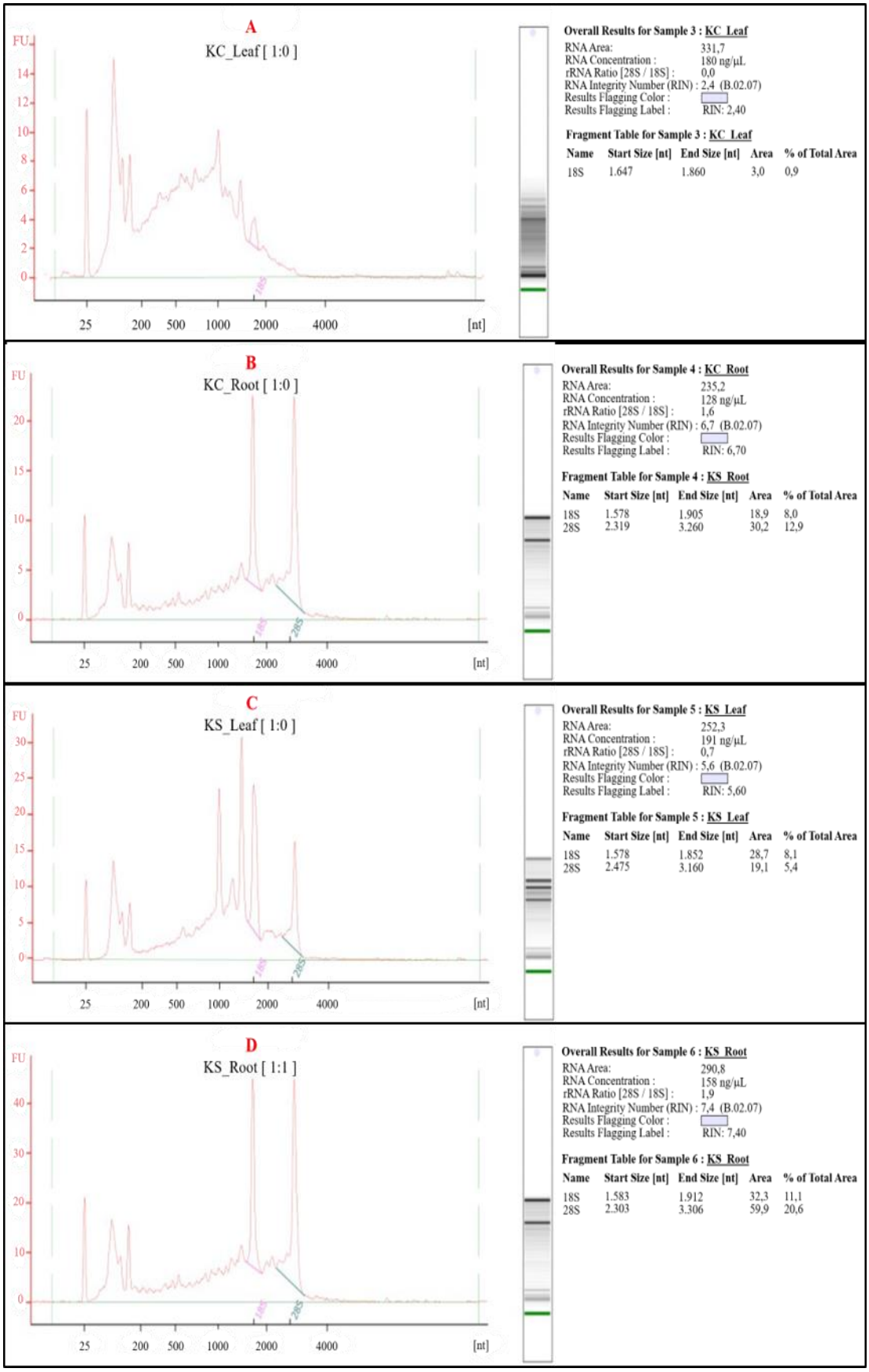
İzole edilen RNA örnekleri Agilent 2100 Biyoanalizer (Agilent Technologies, Santa Clara, ABD) cihazı ile kontrol edilmiştir. RNA Integrity Number (RIN) ve yalancı jel (pseudogel) görüntüsü Agilent 2100 Biyoanalizer cihazı tarafından sonuç olarak verilmektedir. RIN değeri RNA bütünlüğünün bir yazılım aracılığıyla hesaplanması yaklaşımını temel almaktadır. Cihaz RIN değerini hesaplamak üzere sadece rRNA bantlarının oranına göre değil ayrıca degredasyon varlığını da hesaba katarak sonuç vermektedir. Dizileme yapılacak örneklerin yeterli kalitede olup olmadığı RIN değerinin 7-8'den yüksek olmasına bağlıdır. Elde edilen Biyoanalizör sonuçları, çalışmaya konu buğday çeşitlerinin kontrol ve stres örneklerinin tamamının RIN değerleri 7 üzerinde bulunmuştur. Ayrıca yalancı jel görüntüleri incelendiğinde rRNA bantları yoğun ve belirgin olarak gözlemlenmiştir. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 çeşitlerinden izole edilen RNA örneklerin yalancı jel görüntüleri Şekil 4.5, Şekil 4.6 ve Şekil 4.7'de sırasıyla verilmiştir.



Şekil 4.5 Yüreğir-89' den izole edilen RNA örneklerinin yalancı gel görüntüleri kontrol yaprak (A), kontrol kök (B), stres yaprak (C) ve stres kök (D)



Şekil 4. 6 Siyez' den izole edilen RNA örneklerinin yalancı gel görüntüleri kontrol yaprak (A), kontrol kök (B), stres yaprak (C) ve stres kök (D)



Şekil 4.7 Kızıltan-91' den izole edilen RNA örneklerinin yalancı gel görüntüleri kontrol yaprak (A), kontrol kök (B), stres yaprak (C) ve stres kök (D)

4.2.3 RNA Örneklerinin Muhafaza Edilmesi ve Gönderilmesi

Her bir örneğin miRNA dizilemeleri için 10 µg, degradom analizleri için ise 15 µg RNA hazırlanmıştır. RNA'ların kargoda degrede olmamaları için RNAstable (Biomatrica, San Diego, ABD) kiti kullanılmıştır. Kit protokolüne göre tüplerin içerisine koyulan RNA'lar kontaminasyonu engellemek üzere biyogüvenlik kabini içerisinde ve oda sıcaklığında 48 saat kurumaya bırakılmıştır. İşlem sonrasında RNA'lar kargo aracılığıyla dizi okumaları için BGI (Beijing Genomics Institute, Çin)'a gönderilmiştir.

4.3 miRNA'ların Yeni Nesil Dizileme Analiz Sonuçları

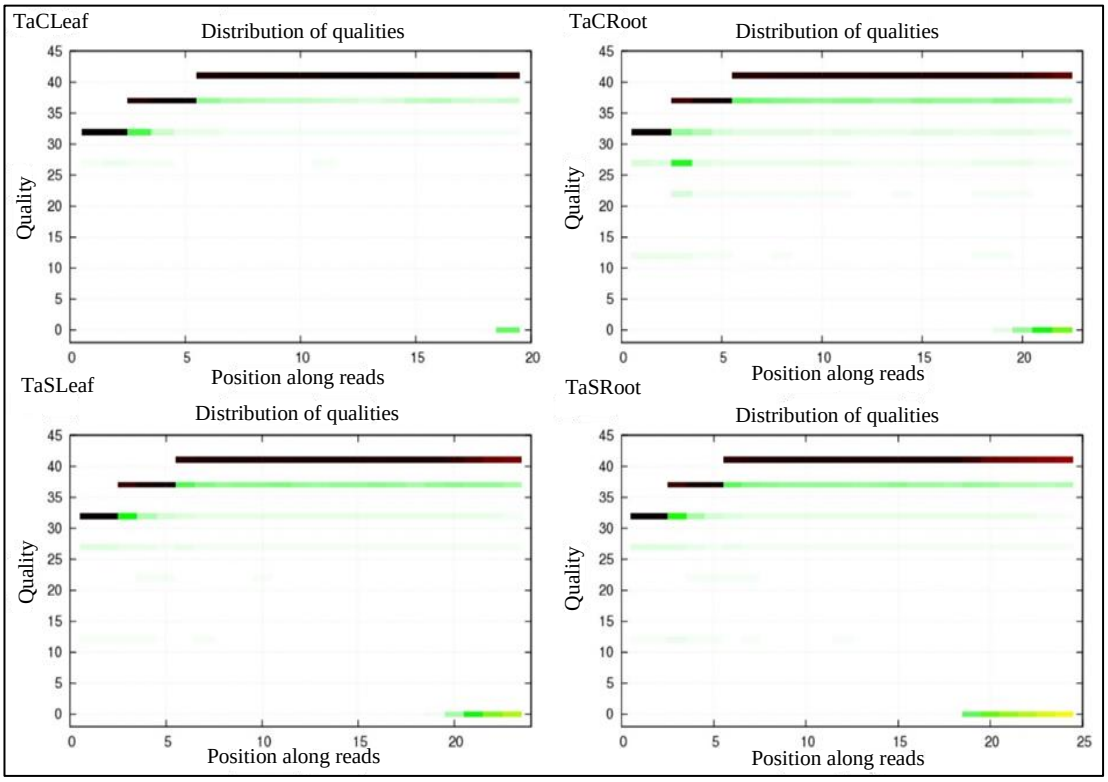
Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez çeşitlerinden alınan örneklerden izole edilen RNA kullanılarak 12 adet miRNA kütüphanesi oluşturulmasının ardından derinlemesine miRNA dizilemesi yapılmıştır. Dizileme işleminden sonra öncelikle adaptör bölgeler uzaklaştırılmış ve verilerin temizlenmesi yapılmıştır. Ham ve temizlenmiş veriler ile bunlara ait yüzde oranları Tablo 4.3'te verilmiştir.

Tablo 4.3 miRNA kütüphanelerine ait ham ve temizlenmiş veriler.

Kütüphane isimleri	Ham veri okuma sayısı	Temizlenmiş okuma sayısı	(%) Oran
TaCLeaf	26.965.687	23.544.441	87.31
TaCRoot	32.716.109	31.452.275	96.14
TaSLeaf	29.810.353	28.122.741	94.34
TaSRoot	34.143.091	31.834.021	93.24
TmCLeaf	28.979.797	27.102.904	93.52
TmCRoot	30.037.262	28.656.659	95.40
TmSLeaf	18.140.201	16.280.114	89.75
TmSRoot	27.983.453	26.359.594	94.20
TtCLeaf	23.861.857	22.172.587	92.92
TtCRoot	35.073.803	33.765.686	96.27
TtSLeaf	26.030.274	24.823.650	95.36
TtSRoot	32.261.077	30.434.530	94.34

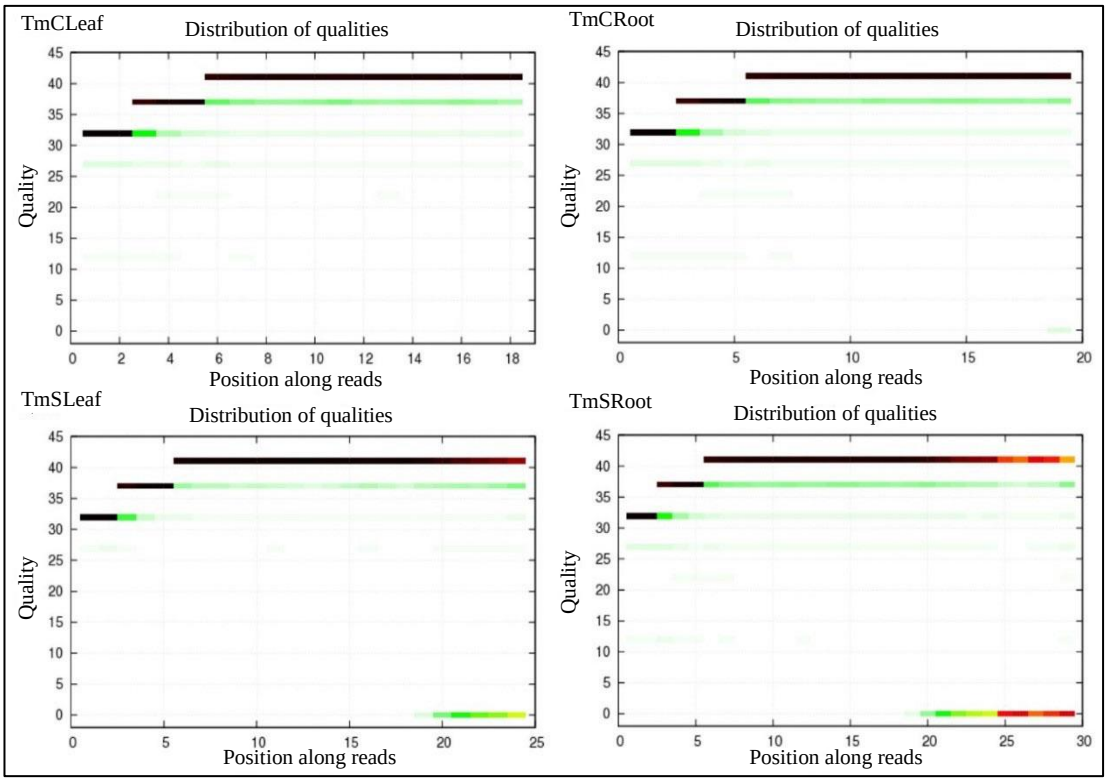
* Ta*: T. aestivum*; Tm: *T. monococcum*; Tt: *T. turgidum*; CLeaf: Kontrol yaprak; CRoot: Kontrol kök; SLeaf: Stres yaprak; SRoot: Stres kök

miRNA'ların nükleotid dizilerinin içerik ve kaliteleri herbir kütüphane için ayrı ayrı analiz edilmiştir. Sonuçlar Şekil 4.8, Şekil 4.9 ve Şekil 4.10'da sunulmuştur. Grafiklerde nükleotid pozisyonunu X-ekseni, nükleotid kalite değerlerinin yüzdesel oranını ise Y-ekseni temsil etmektedir. Nükleotid kalite değerinin %20'den az olması, bahse konu dizilerdeki dizileme kalitesinin düşük olduğunu gösterir. Grafiklerde yüksek oranda siyah çizgi olarak gösterilen kısımlar okumaları yapılan toplam nükleotid sayısının yüksek kaliteye sahip olduğunu göstermektedir ve buna göre tüm örnekler yüksek kalitededir.

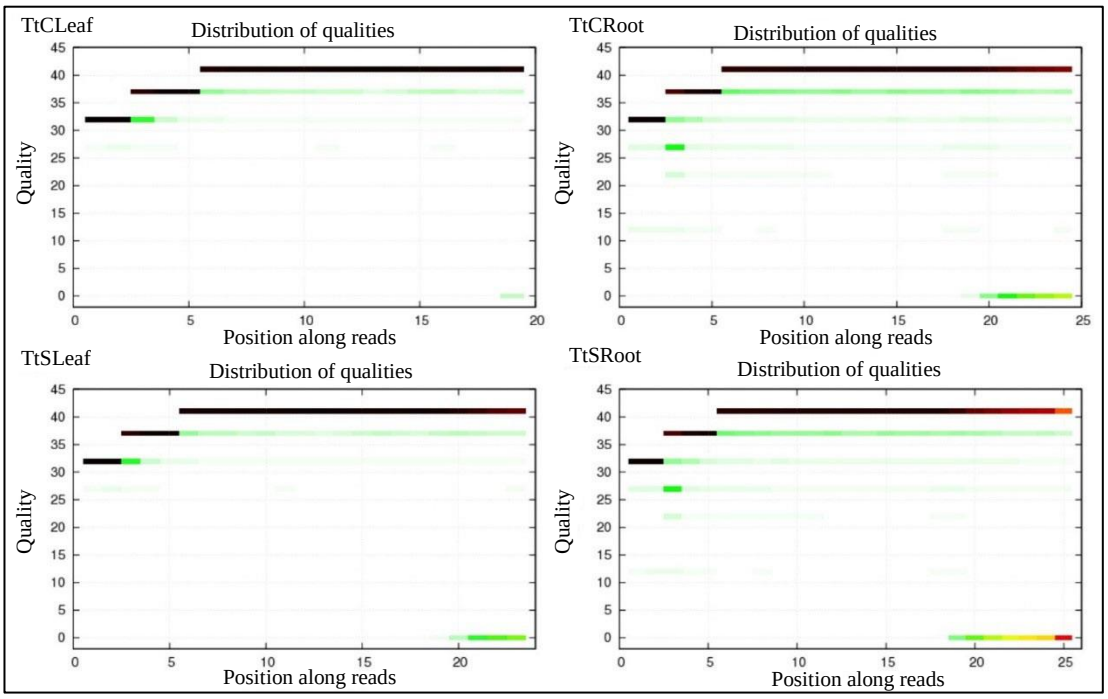


Şekil 4.8 Yüreğir-89' a ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda nükleotidlerin kalite değerlerinin yüzdesel oranı

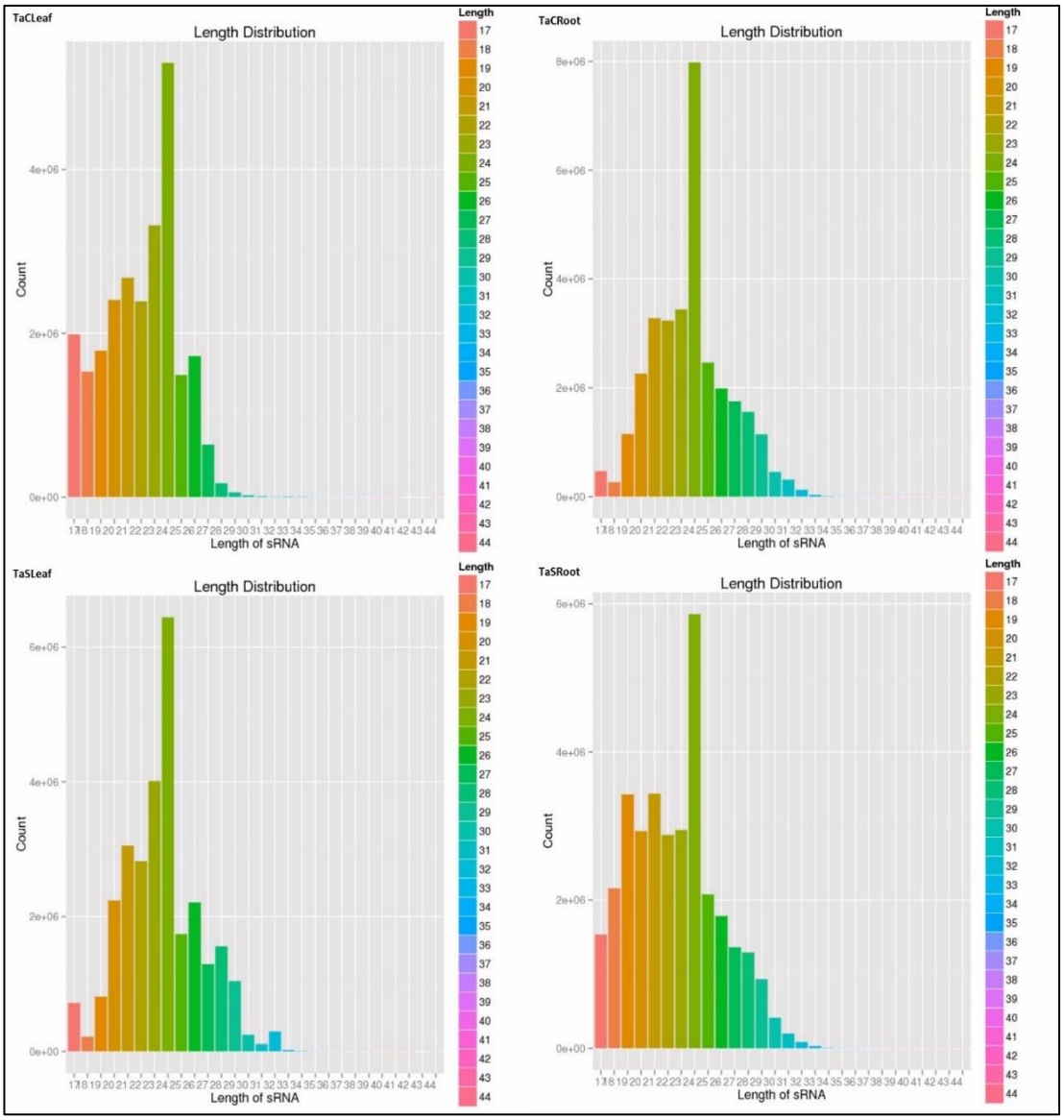
Nükleotidlerin kalite analizlerinin yanında, okumaları yapılan küçük RNA'ların nükleotid uzunlukları da analiz edilmiştir. Küçük RNA'lar 18-30 nt uzunluğa sahip moleküllerdir. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 örneklerine ait toplam 12 miRNA kütüphanesinin uzunluk dağılımları Şekil 4.11, Şekil 4.12 ve Şekil 4.13'te sırasıyla verilmiştir. Grafiklerde her bir kütüphanenin küçük RNA kompozisyonunun 17-32 nt uzunluğunda RNA molekülleri içerdiği ve bunların arasında 24-26 nt uzunluğa sahip olanların en yüksek miktarda bulundukları görülmektedir.



Şekil 4.9 Siyez' e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda nükleotidlerin kalite değerlerinin yüzdesel oranı



Şekil 4.10 Kızıltan-91' e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda nükleotidlerin kalite değerlerinin yüzdesel oranı

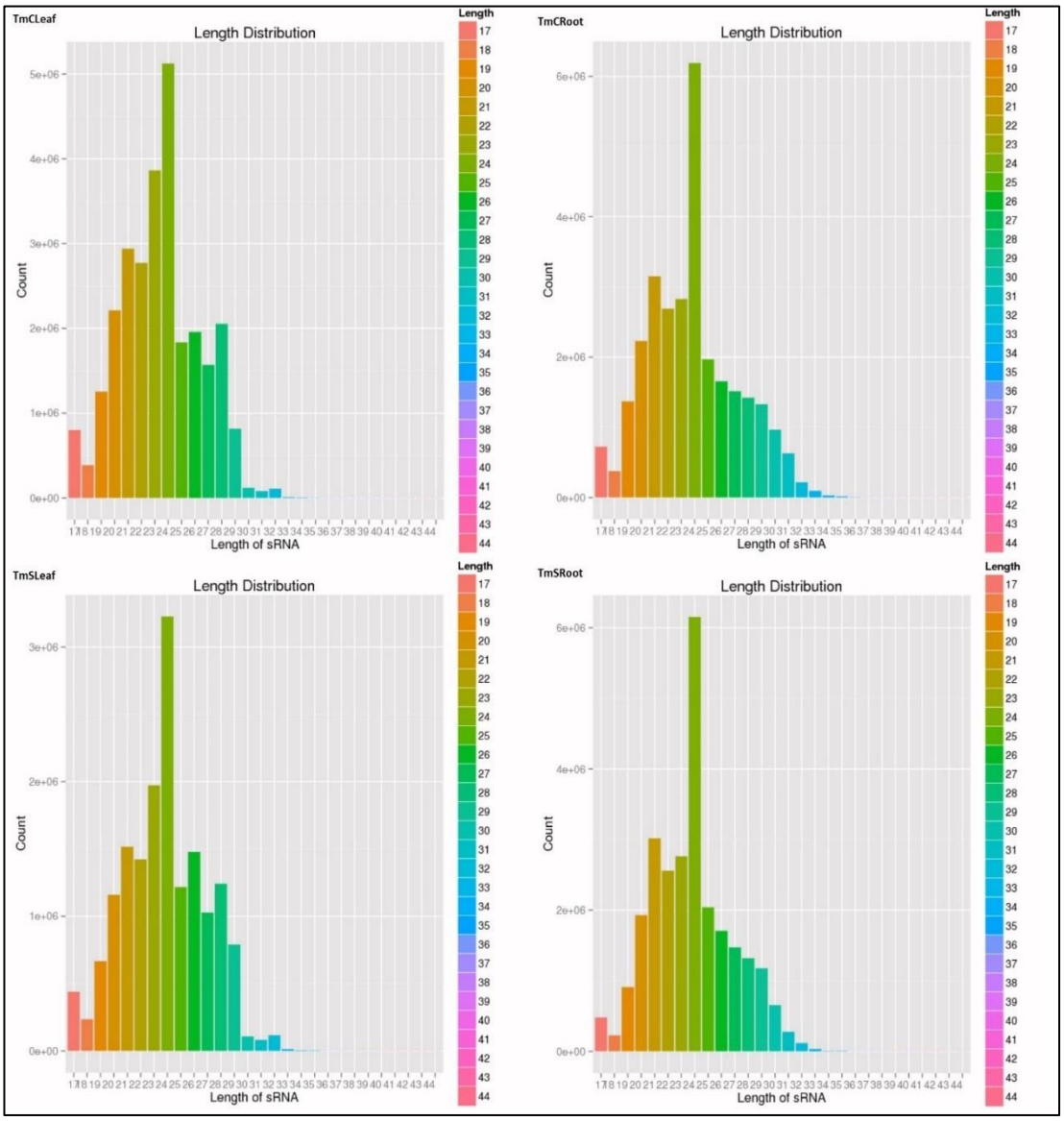


Şekil 4.11 Yüreğir-89' a ait örneklerin küçük RNA uzunluk dağılım analizi

miRNA kütüphanelerinin okumaları tamamlandıktan sonra ilk olarak dizilenmiş küçük RNA'ların miRBase (Kozomara vd., 2018), Rfam (Kalvari vd., 2021), piRNA, siRNA ve snoRNA veritabanları aracılığıyla anotasyonları yapılmıştır ve sonuçlar Tablo 4.4'te sunulmuştur.

Şekil 4.14, Şekil 4.15 ve Şekil 4.16'da türlerin miRNA kütüphanelerine ait genom dağılım grafikleri verilmiştir. Küçük RNA molekülleri haritalanarak, kromozom seviyesinde genomdaki yerleri belirlenmiştir. Yüreğir-89 için Şekil 4.14 incelendiğinde küçük RNA molekülleri ağırlıklı olarak 2. kromozomda dağılım göstermiştir. Bunun yanında yaprak ve kök kısımlarından elde edilen miRNA'lar 25.

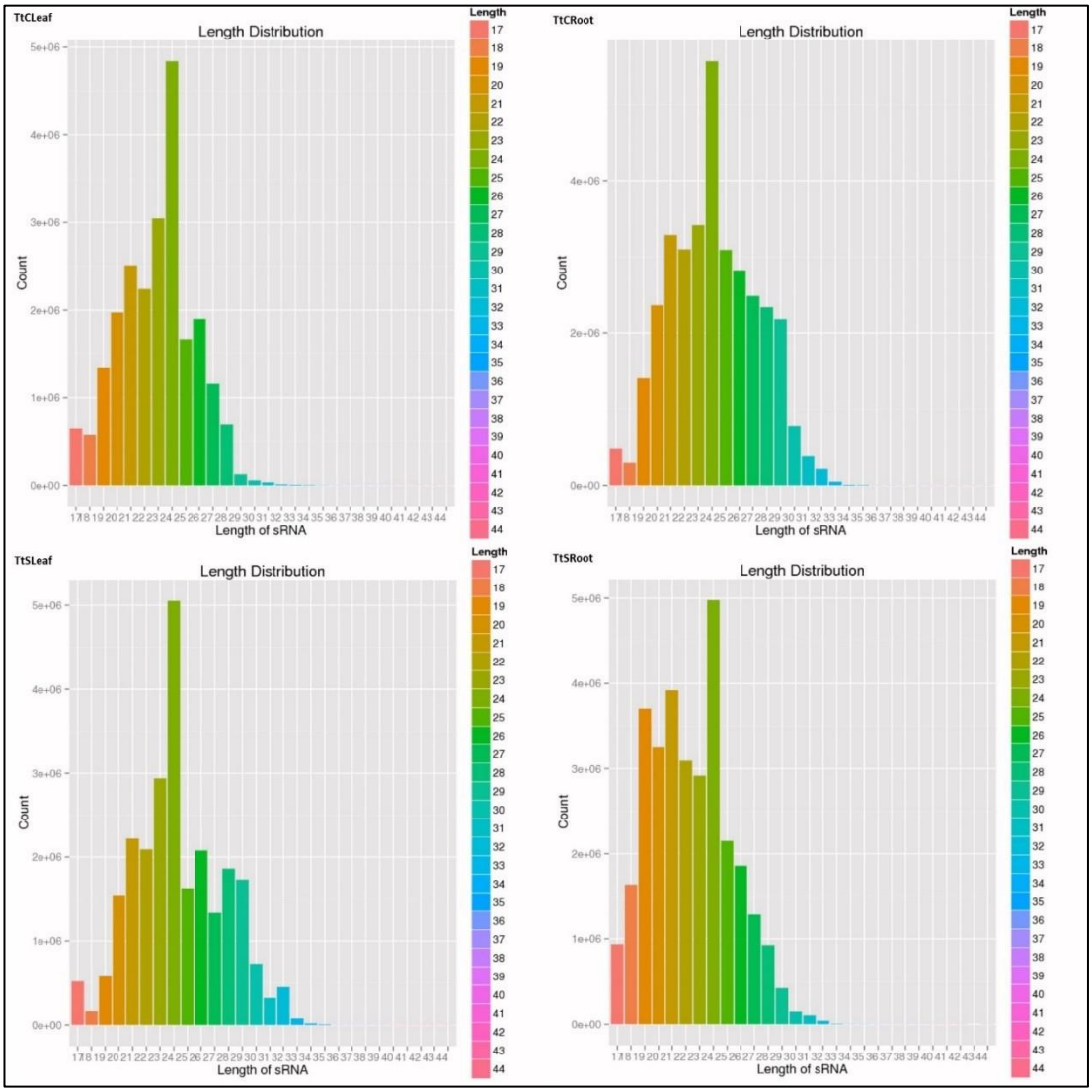
kromozomda da belirlenmiştir. Siyez çeşidi içinde benzer olarak RNA molekülleri 2., 25. ve 30. kromozomlarda (Şekil 4.15); Kızıltan-91 çeşidi için ise 2. ve 8. kromozomlarda yer aldığı görülmektedir (Şekil 4.16).



Şekil 4.12 Siyez' e ait örneklerin küçük RNA uzunluk dağılım analizi

miRNA kütüphanelerinin okumaları tamamlandıktan sonra ilk olarak dizilenmiş küçük RNA'ların miRBase (Kozomara vd., 2018), Rfam (Kalvari vd., 2021), piRNA, siRNA ve snoRNA veritabanları aracılığıyla anotasyonları yapılmıştır ve sonuçlar Tablo 4.4'te sunulmuştur.

Şekil 4.14, Şekil 4.15 ve Şekil 4.16'da türlerin miRNA kütüphanelerine ait genom dağılım grafikleri verilmiştir. Küçük RNA molekülleri haritalanarak, kromozom seviyesinde genomdaki yerleri belirlenmiştir. Yüreğir-89 için Şekil 4.14 incelendiğinde küçük RNA molekülleri ağırlıklı olarak 2. kromozomda dağılım göstermiştir. Bunun yanında yaprak ve kök kısımlarından elde edilen miRNA'lar 25. kromozomda da belirlenmiştir. Siyez çeşidi içinde benzer olarak RNA molekülleri 2., 25. ve 30. kromozomlarda (Şekil 4.15); Kızıltan-91 çeşidi için ise 2. ve 8. kromozomlarda yer aldığı görülmektedir (Şekil 4.16).



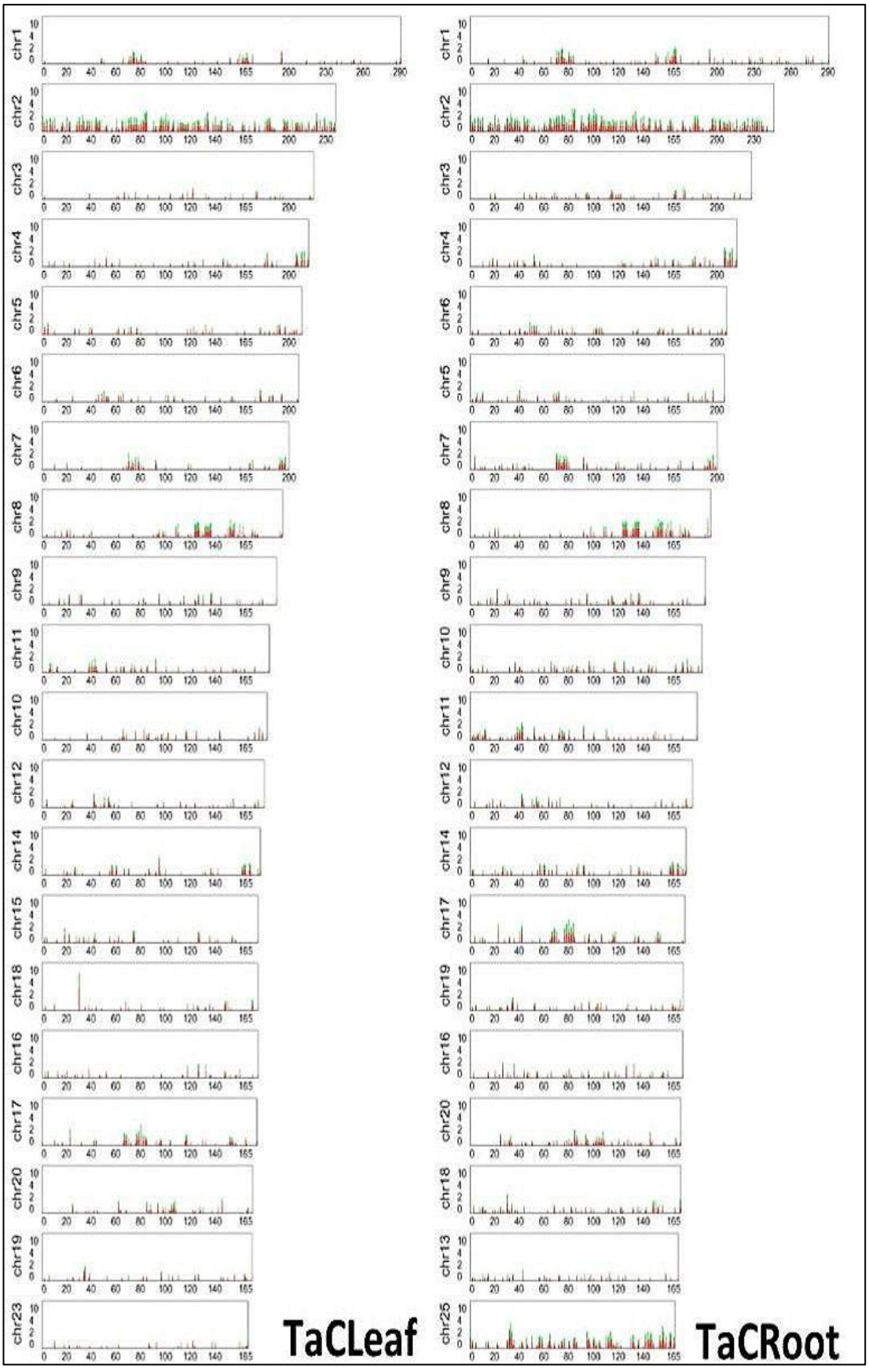
Şekil 4.13 Kızıltan-91' e ait örneklerin küçük RNA uzunluk dağılım analizi

Tablo 4.4 miRNA kütüphanelerinin temizlenmiş verilerin anotasyon sonuçları

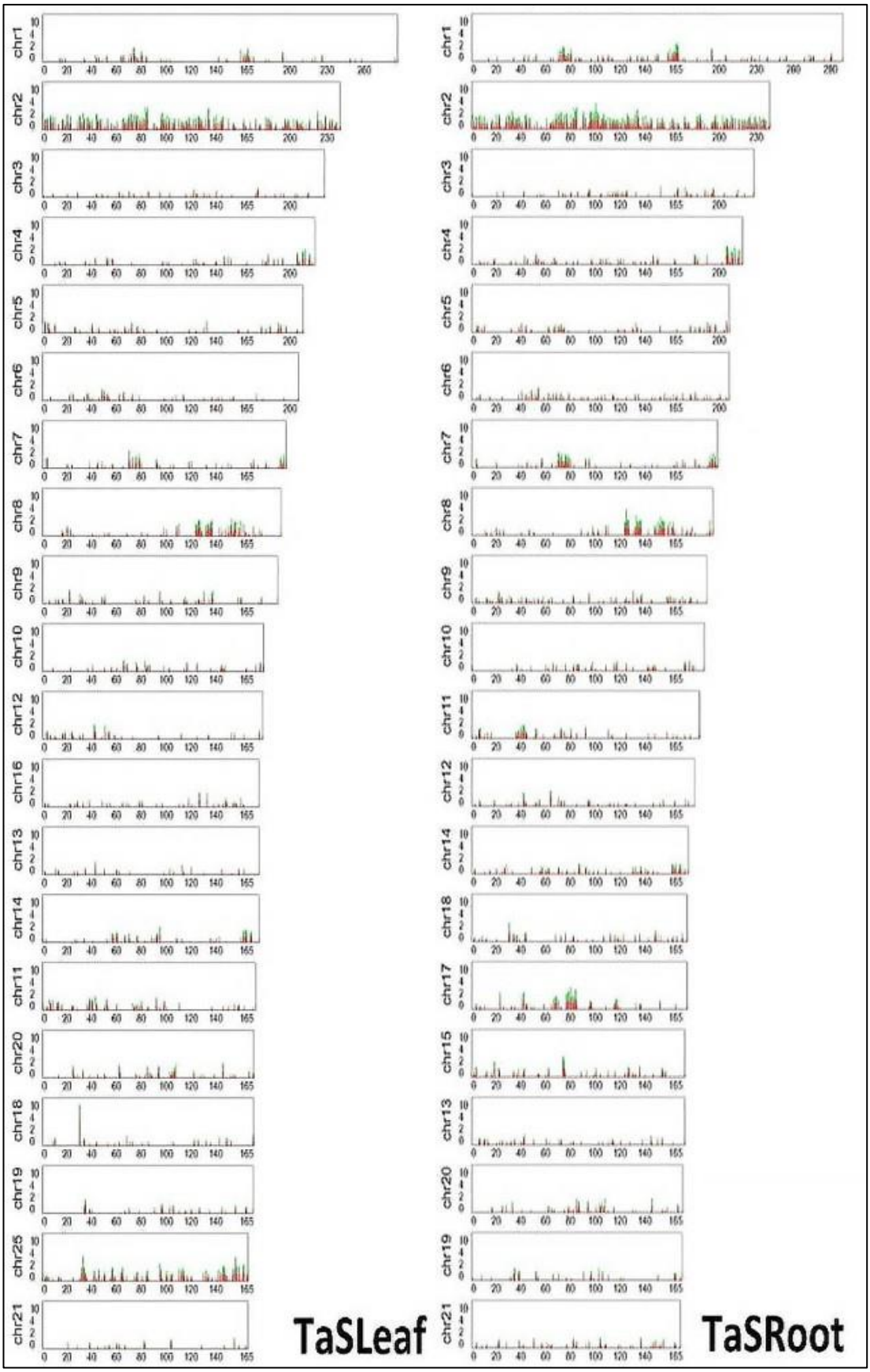
Kütüphane isimleri	Temizlenmiş okuma sayısı	Haritalanmış okuma sayısı	(%) Oran
TaCLeaf	23.544.441	20.680.695	87.84
TaCRoot	31.452.275	24.894.077	79.15
TaSLeaf	28.122.741	24.818.118	88.25
TaSRoot	31.834.021	25.264.117	79.36
TmCLeaf	27.102.904	24.999.153	92.24
TmCRoot	28.656.659	22.892.237	79.88
TmSLeaf	16.280.114	14.862.873	91.29
TmSRoot	26.359.594	19.147.336	72.64
TtCLeaf	22.172.587	19.717.814	88.93
TtCRoot	33.765.686	27.337.728	80.96
TtSLeaf	24.823.650	22.030.127	88.75
TtSRoot	30.434.530	24.349.786	80.01

*Ta: *T. aestivum*; Tm: *T. monococcum*; Tt: *T. turgidum*; CLeaf: Kontrol yaprak; CRoot: Kontrol kök; SLeaf: Stres yaprak; SRoot: Stres kök

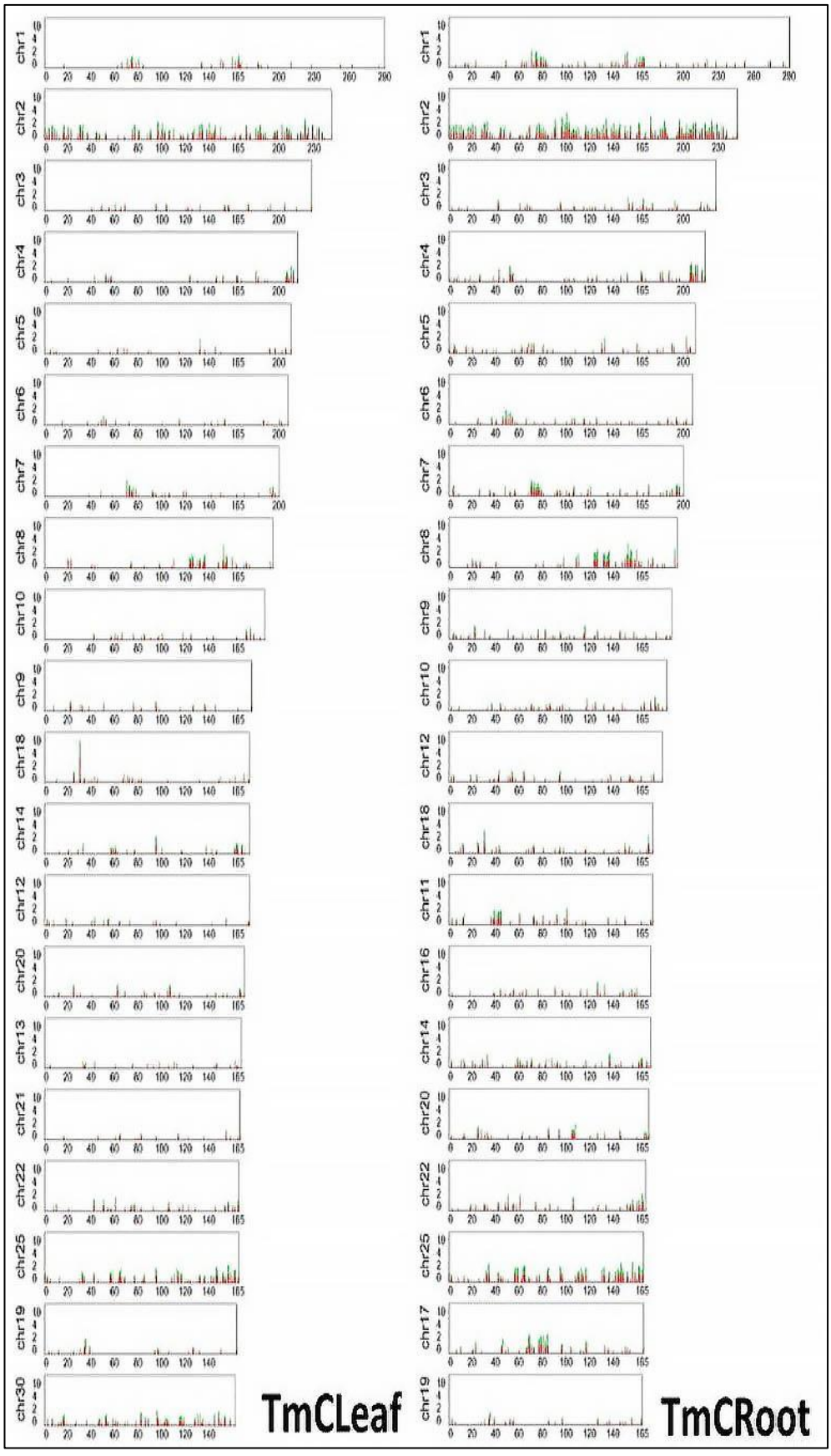
Dizilemeleri yapılan kütüphanelerin küçük RNA kompozisyonları (miRNA, snRNA, intergenic miRNA, snoRNA, öncü (precursor), rRNA ve haritalanamamış (unmap) herbir örnek için ayrı ayrı gösterilmiştir (Şekil 4.17, Şekil 4.18 ve Şekil 4.19). Genom üzerinde bulunduğu konuma göre miRNA'lar, genler arası (intergenik) veya gen içi (intronik) olarak kategorize edilirler (Ramalingam vd., 2014). Kendi kendilerine bağımsız olarak transkripsiyonlarını sağlayabilen DNA bölgeleri genler arası miRNA olarak adlandırılırlar. Genom üzerinde yer aldığı gen ile birlikte ortak bir regülasyon mekanizması ve ekspresyon profili gösteren gen içi miRNA'lar ise ait oldukları transkripsiyon birimlerinin intronlarından işledikleri düşünülmektedir. Bununla birlikte bazı çalışmalar, konumlandığı ilgili gen ile ifade seviyeleri uyuşmayan intronik miRNA'ların kendi başlarına ifadelerini sağlayabilen transkripsiyon birimleri olarak aktarılabileceklerini ve düzenlenebileceklerini göstermiştir (Ramalingam vd., 2014). Örneklere ait tüm miRNA kütüphanelerinde belirlenen küçük RNA moleküllerinin katagorize edilmeleri sonucunda, tüm kütüphanelerin küçük RNA kompozisyonunun ağırlıklı olarak intergenik miRNA'lardan oluştuğu görülmüştür.



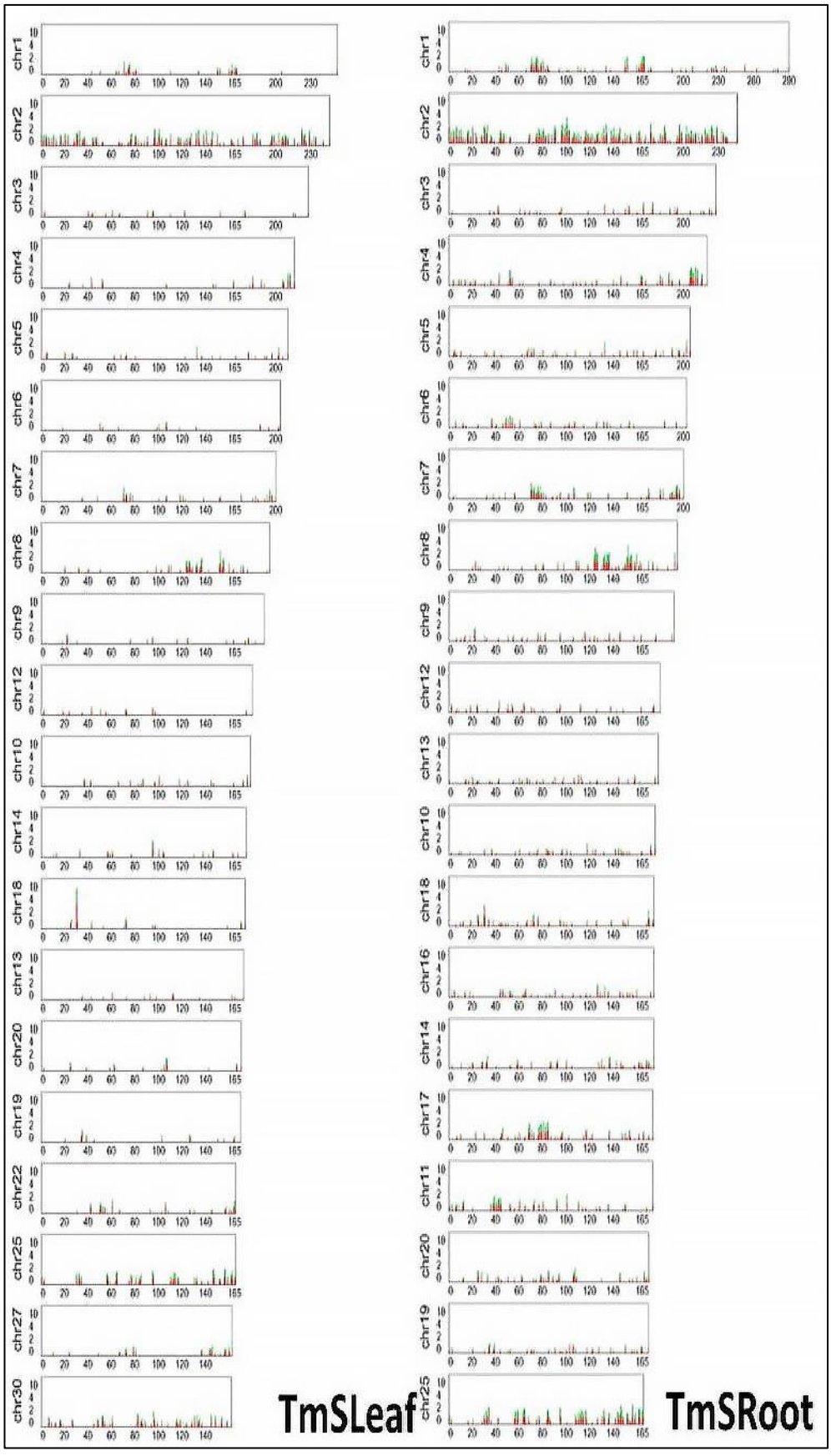
Şekil 4.14 Yüreğir-89'a ait kontrol örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri



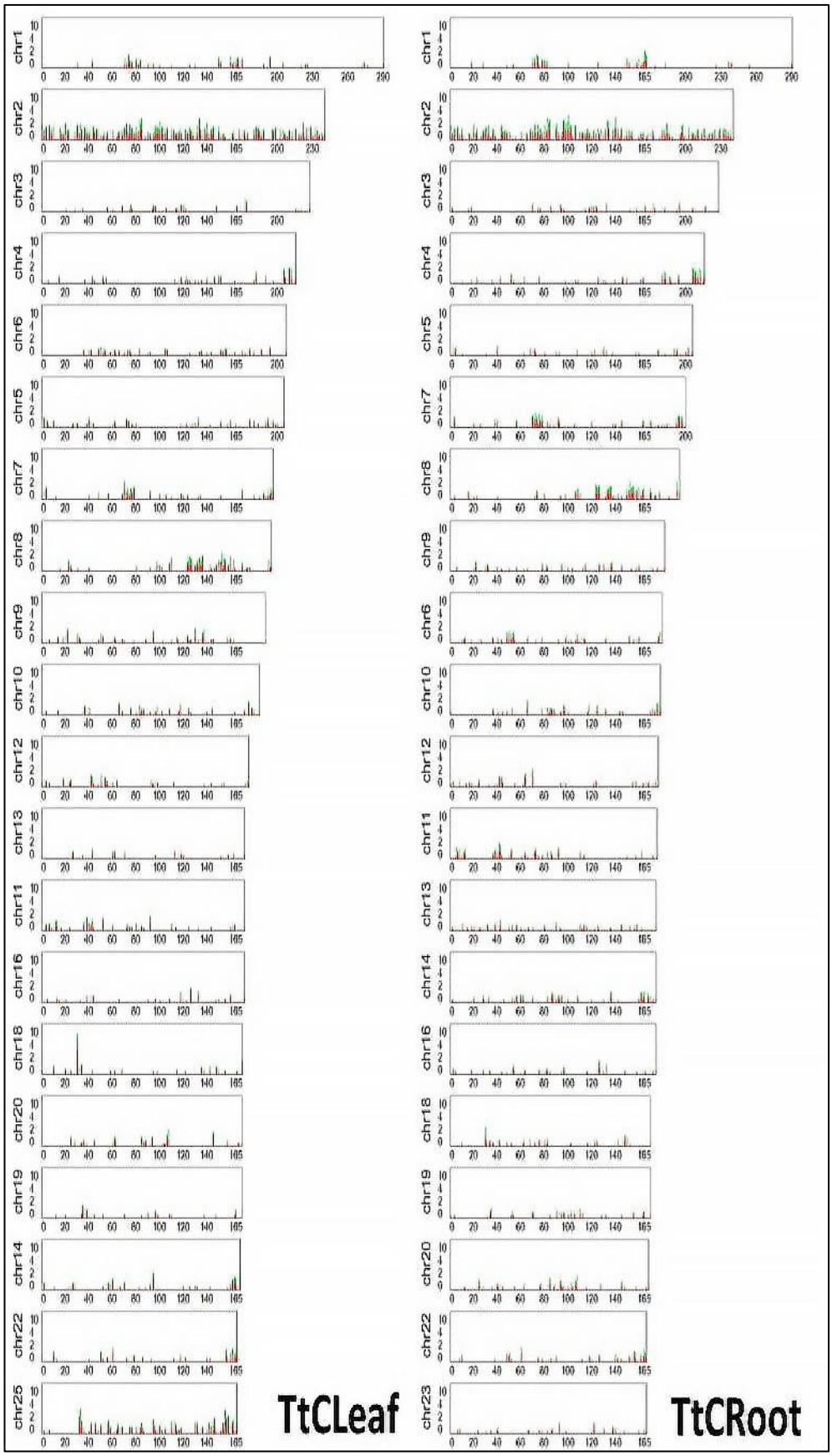
Şekil 4.15 Yüreğir-89'a ait stres örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri



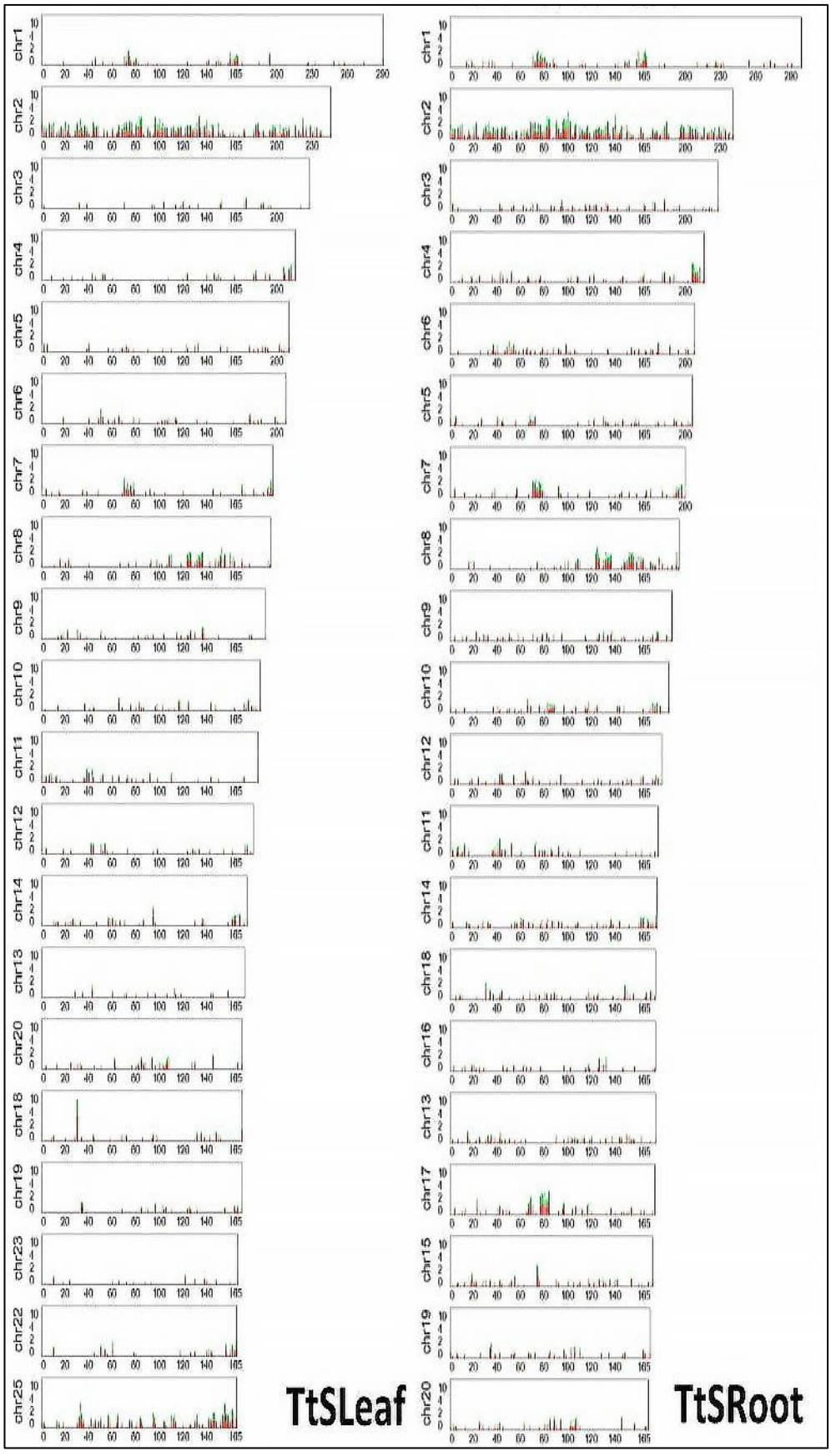
Şekil 4.16 Siyez'e ait kontrol örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri



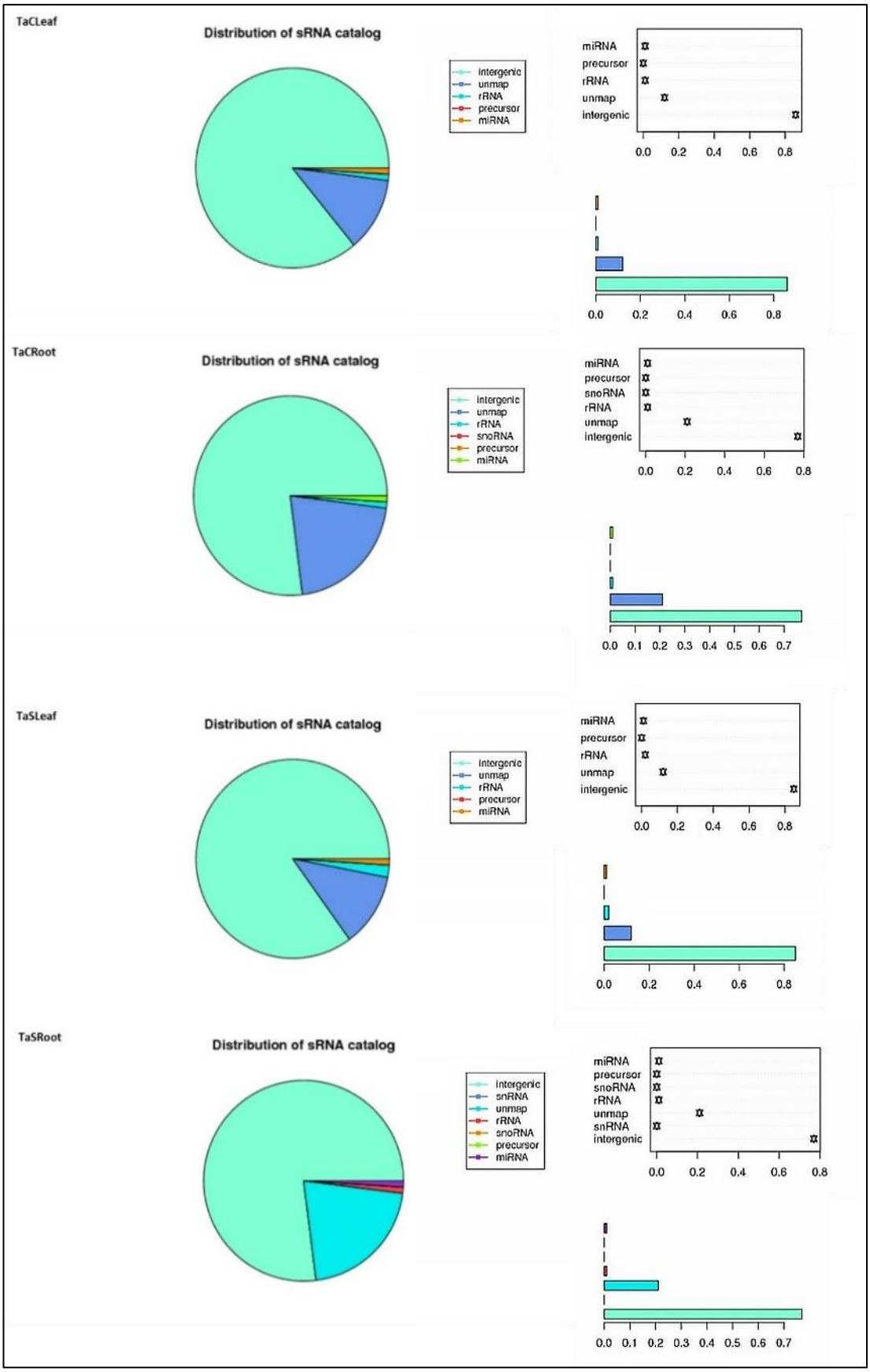
Şekil 4.17 Siyez'e ait stres örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri



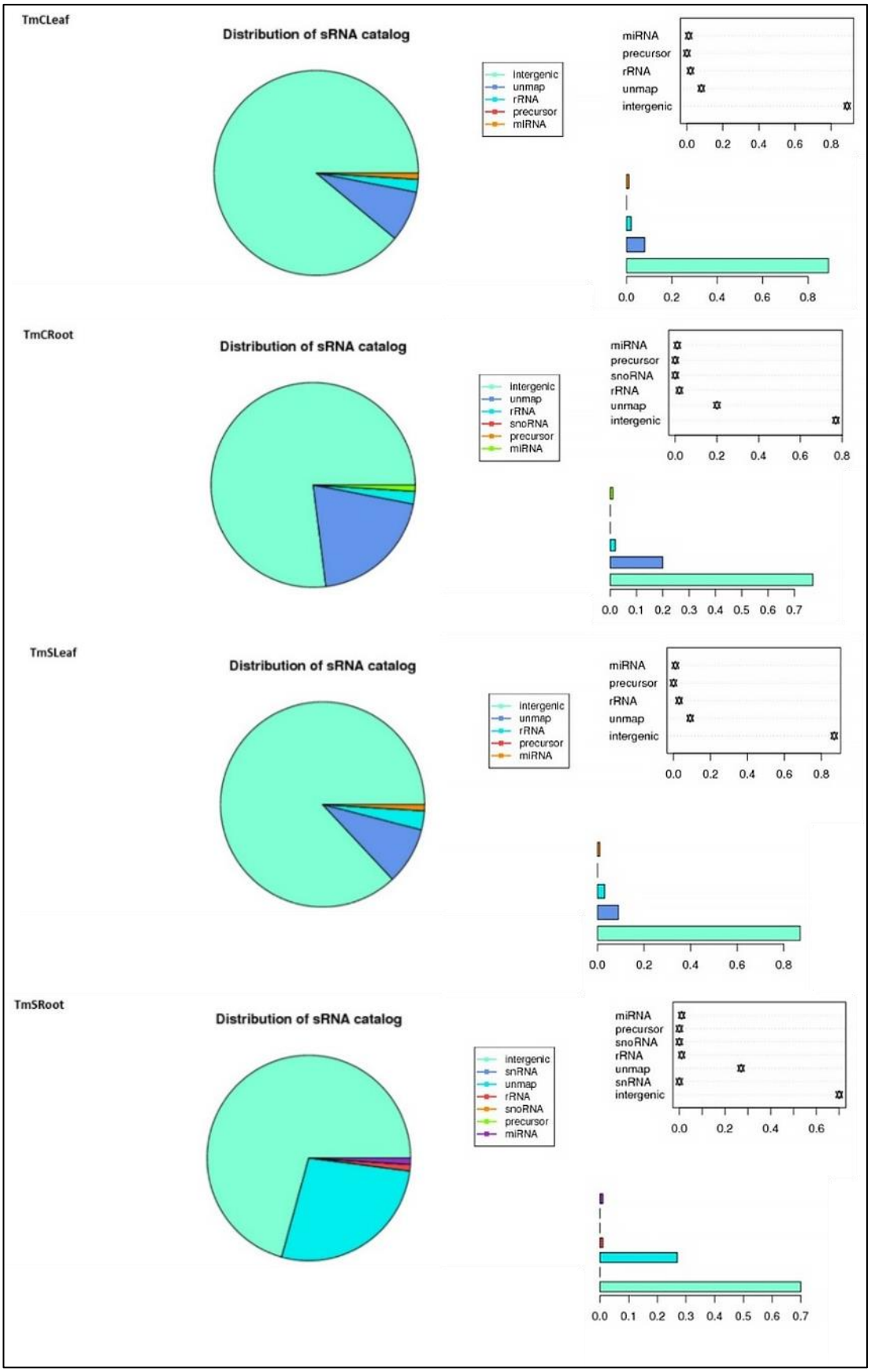
Şekil 4.18 Kızıltan-91'e ait kontrol örneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri



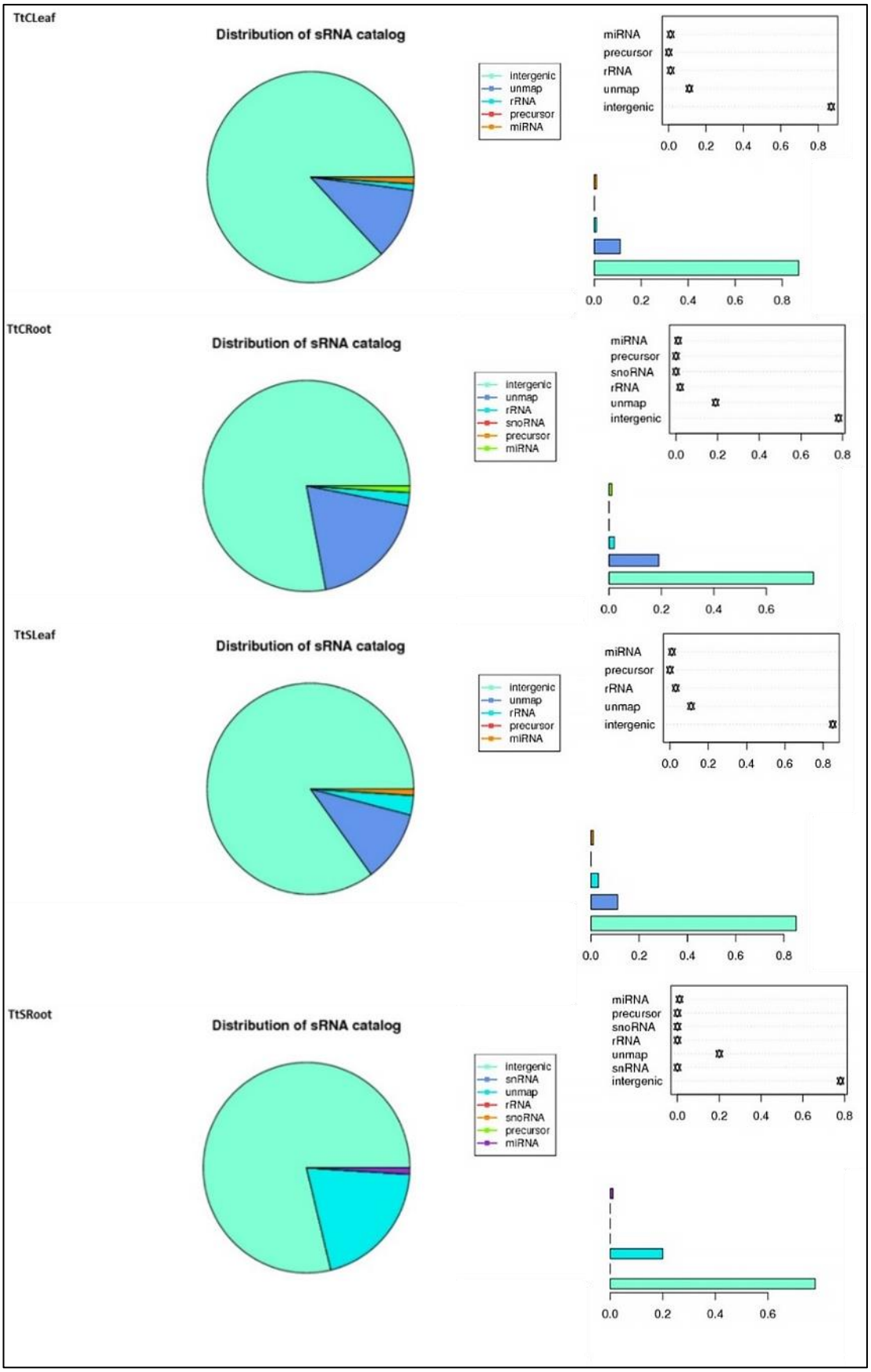
Şekil 4.19 Kızıltan-91'e ait stresörneklerinde küçük RNA'ların genoma dağılım grafikleri



Şekil 4.20 Yüreğir-89' a ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda tüm küçük RNA' larının sınıflandırılması



Şekil 4.21 Siyez'e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda tüm küçük RNA' larının sınıflandırılması



Şekil 4.22 Kızıltan-91'e ait örneklerin miRNA dizileme sonucunda tüm küçük RNA' larının sınıflandırılması

4.4 miRNA' ların Biyoinformatik Analizleri, Tanımlanmaları ve Hedef Genlerin Belirlenmesi

Tez çalışmasına konu olan kontrol ve kuraklık stresine maruz bırakılmış ekmeklik buğday Yüreğir-89, makarnalık buğday Kızıltan-91 ve atasal buğday Siyez'den alınan yaprak ve kök dokularına ait örnekler ile oluşturulan 12 miRNA kütüphanesinin, derinlemesine miRNA dizilemeleri, küçük RNA'ların kataloglanması, tanımlanması ve anotasyonları yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar kullanılarak miRNA dizilerinin; miRNA analizleri, miRNA hedef genlerinin analizleri ve yeni (novel) miRNA belirlenmesi analizleri olmak üzere 3 başlık altında biyoinformatik analizleri gerçekleştirilmiştir. Yapılan tüm biyoinformatik analizlerin akış şeması ve kullanılan yöntemler Şekil 4.20'de gösterilmiştir.

4.4.1 miRNA Analizleri

Buğday çeşitlerine ait kontrol ve stres gruplarından alınan yaprak dokusu örneklerinde belirlenen miRNA'ların karşılaştırmalı analizleri yapılmış ve sonuçlar Şekil 4.21'de sunulmuştur. Yapılan analizlere göre, kontrol grubu örneklerinde 93 ve stres grubu örneklerinde ise 91 adet miRNA'nın, her üç buğday türünde ortak olarak ifade edildiği görülmüştür. tae-miR2275-3p, tae-miR9657c-3p, tae-miR9677a ve tae-miR9679-5p'nin Yüreğir-89; tae-miR9673-5p'nin Siyez; tae-miR9780'in ise Kızıltan-91 kontrol yaprak örneklerine özgü olarak ifade edildiği belirlenmiştir. Bununla birlikte 11 adet miRNA'nın ise Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'e ait kontrol yaprak örneklerinde ortak olarak ifade edildiği gözlemlenmiştir. Diğer taraftan, kuraklık stresine maruz bırakılmış Yüreğir-89 ve Siyez yaprak dokularında 1'er adet miRNA'nın ifade olduğu belirlenmiştir. Kızıltan-91 yaprak dokularında ise kuraklık stresi sonucu 4 adet miRNA (tae-miR9657b-3p, tae-miR9657b-5p, tae-miR9657c-3p ve tae-miR9679-5p) gözlemlenmiştir.

Yüreğir-89 çeşiti yaprak miRNA sonuçlarına göre, tae-miR2275-3p ve tae-miR9677a'nın kuraklık stres sonrası ifade seviyelerinde artış belirlenmiştir. tae-miR9780 ise Siyez'de sadece stres koşulunda ifade olurken, Kızıltan'da ise sadece kontrol örneğinde ifadesi gözlenmiştir. Bunun yanında Kızıltan-91'de, kuraklık stres

sonrası tae-miR2275-3p, tae-miR9657c-3p, tae-miR9679-5p, tae-miR9673-5p ve tae-miR9657b-5p miRNA'larının ifade olduğu belirlenmiştir. tae-miR9657b-3p' nin Kızıltan-91'de ifade seviyesi stres sonrası 19 kat artış göstermiştir.

Bütün buğday türlerinin kontrol kök örneklerinde ortak ifadesi belirlenen 90 adet ve stres örneklerinde ise ortak ifadesi belirlenen 92 adet miRNA tespit edilmiştir (Şekil 4.22). *T. aestivum* kontrol kök örneğinde kendine özgü olan 1 adet miRNA (tae-miR1124) bulunmuştur. *T. turgidum*'a özgü kontrol kök örneğinde 8 adet miRNA ve *T. monococcum*'da ise 3 adet miRNA tespit edilmiştir. Tüm bunların yanı sıra *T. turgidum* kuraklık stres sonrası kök kısımlarında 4 adet miRNA'nın (tae-miR1129, tae-miR171b, tae-miR9669-5p ve tae-miR9679-5p) ifade olduğu gözlemlenmiştir. Ayrıca, kuraklık stresi sonrasında *T. monococcum* kök dokularına özgü 3 adet miRNA'nın ifade olduğu bulunmuştur.

Yüreğir-89'e ait kök miRNA sonuçlarına göre kontrol grubundan farklı sadece kuraklık stres sonrası ifadesi belirlenen 3 adet miRNA (tae-miR9655-3p, tae-miR9657c-3p ve tae-miR530) saptanmıştır. *T. monococcum*'da sadece kuraklık stresi sonrası kök örneğinde ifade olan miRNA'lar arasında tae-miR530 yer almaktadır. *T. turgidum*'da ise bulunan miRNA'ların tümünün kuraklık stresi sonrası kök örneklerinde ifade seviyelerinde artış tespit edilmiştir. Bunların arasından tae-miR9657c-3p'de 2.75 kat, tae-miR9657b-3p'de 4.5 kat ve tae-miR9669-5p de 1.5 katlık artış gözlenmiştir.

Her 3 buğday çeşitine ait kontrol ve kuraklık grubu yaprak ve kök örneklerde ortak olan miRNA'ların ifade düzeyleri karşılaştırılmıştır. Şekil 4.23'ye göre *T. aestivum* ile *T. turgidum* yaprak örneklerinde ortak miRNA'lar arasında ters bir ilişki saptanmıştır. Örnek olarak, tae-miR1117, tae-miR1847-5p, tae-miR164, tae-miR1118, tae-miR1122-3p, tae-miR1136, tae-miR5084, tae-miR1120a, tae-miR1122a, tae-miR1135, tae-miR1128, tae-miR1133, tae-miR171a ve tae-miR5200 miRNA'larının *T. aestivum* yaprak örneğinde kontrole göre ifade düzeyleri artış gösterirken, *T. turgidum* yaprak örneğinde ise bu miRNA'ların kontrole göre ifade seviyelerinde azalış gözlenmiştir. Siyeze özgü olarak bazı miRNA'ların kontrol ve kuraklık stresi sonrasında ifade seviyelerinde artış saptanmıştır. Buna örnek olarak, tae-miR396-5p,

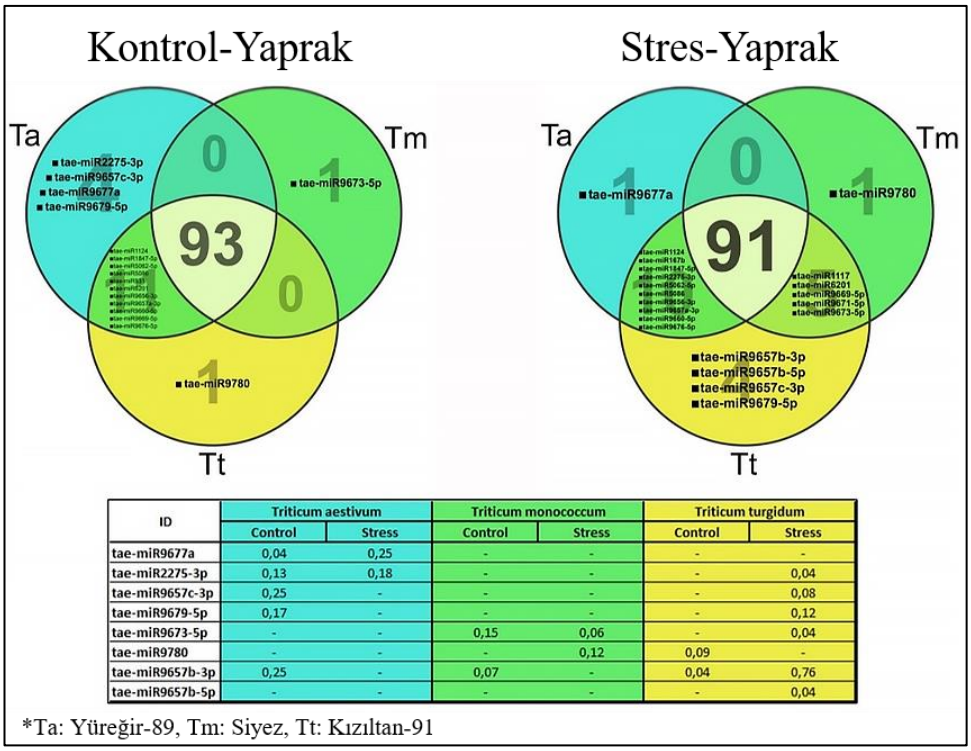
tae-miR5175-5p, tae-miR9776, tae-miR9661-5p, tae-miR9666a-3p, tae-miR9666b-3p, tae-miR9666b-5p, tae-miR398 ve tae-miR9655-3p miRNA'ları verilebilir. Kuraklık stresi sonrası *T. aestivum*'da 39 adet, *T. monococcum*'da 8 adet ve *T. turgidum*'da ise 15 adet miRNA'nın ifade düzeyinde artış tespit edilmiştir (Şekil 4.23). Bu miRNA'lar arasında *T. aestivum* için tae-miR159b, tae-miR9677a, tae-miR9772, tae-miR9777; *T. monococcum* için tae-miR9780, tae-miR9666c-5p, tae-miR9671-5p, tae-miR6201; *T. turgidum* için tae-miR444a, tae-miR9657b-5p, tae-miR9679-5p, tae-miR9657c-3p, tae-miR9669-5p en göze çarpanlardır.

Şekil 4. 24'te kontrol ve kuraklık stres sonrası *T. aestivum, T. turgidum ve T. monococcum'*e ait miRNA kütüphanelerinin kök örneklerinde ortak bulunan miRNA'ların ifade düzeyleri incelenmiştir.

Şekil 4.24'e göre yaprak dokularında olduğu gibi *T. aestivum* ve *T. monococcum* arasında bir ilişki göze çarpmaktadır. Buna göre, tae-miR1117, tae-miR1118, tae-miR1120a, tae-miR1122b-3p, tae-miR1120b-3p, tae-miR1120c-5p, tae-miR1121, tae-miR1122a, tae-miR1136, tae-miR1139, tae-miR167a, tae-miR395b, tae-miR5084 ve tae-miR9664-3p miRNA' ların *T. aestivum* ve *T. monococcum*'un kontrol ve kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde yüksek ifade seviyelerine sahip olduğu saptanmıştır. miRNA'ların bazısının ise sadece Siyez'e özgün olduğu kontrol ve kuraklık stresi sonucunda ifade düzeylerinin arttığı belirlenmiştir. Bunlara örnek olarak tae-miR5384-3p, tae-miR9670-3p, tae-miR9677a, tae-miR9773 ve tae-miR9776 miRNA' ları verilebilir. Kuraklık stresi sonrası *T. aestivum* 20 adet, *T. monococcum*'da 12 adet ve *T. turgidum*'da 12 adet miRNA'nın ifade düzeyinde artış gözlenmiştir (Şekil 4.24).

Bu miRNA'lar arasında *T. aestivum* için tae-miR159b, tae-miR160, tae-miR164, tae-miR2275-3p, tae-miR319, tae-miR408, tae-miR444b, tae-miR530, tae-miR9655-3p, tae-miR9678-3p, tae-miR9775, *T. monococcum* için; tae-miR1123, tae-miR1130a, tae-miR1131, tae-miR2275-3p, tae-miR530, *T. turgidum* için; tae-miR1129, tae-miR1134, tae-miR156, tae-miR159a, tae-miR167b, tae-miR395a, tae-miR5050 göze çarpmaktadır.

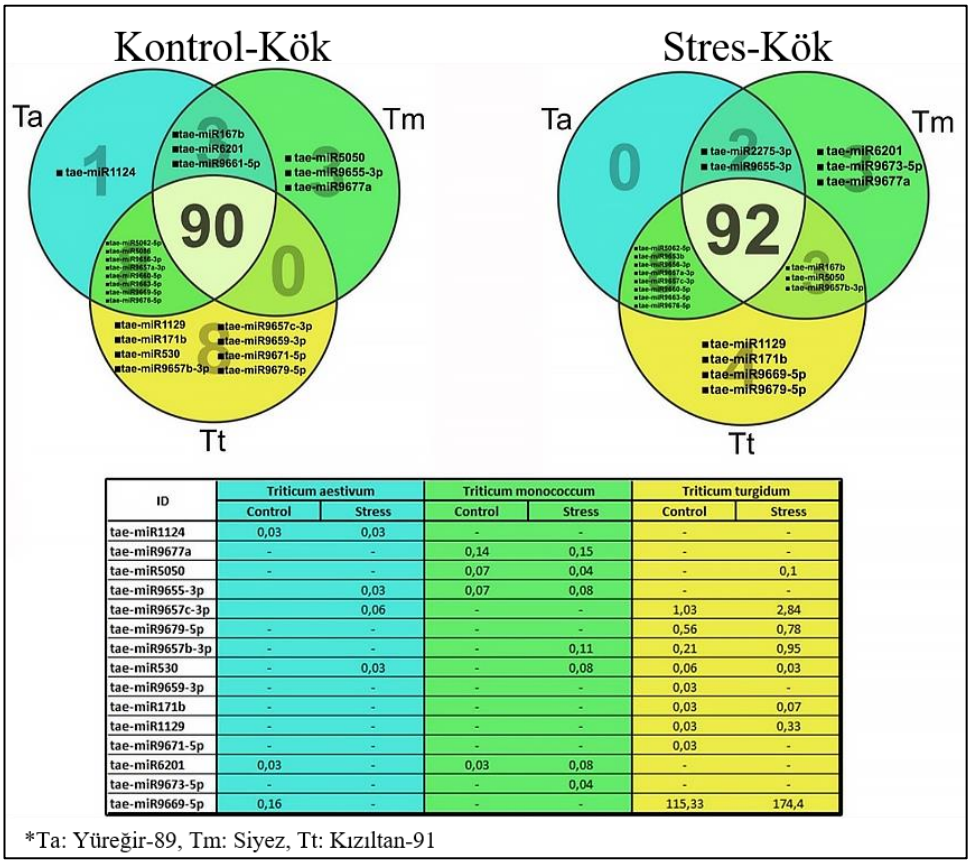
Şekil 4.23 Yapılan biyoinformatik analizler



ID	Triticum aestivum		Triticum monococcum		Triticum turgidum	
	Control	Stress	Control	Stress	Control	Stress
tae-miR9677a	0,04	0,25	-	-	-	-
tae-miR2275-3p	0,13	0,18	-	-	-	0,04
tae-miR9657c-3p	0,25	-	-	-	-	0,08
tae-miR9679-5p	0,17	-	-	-	-	0,12
tae-miR9673-5p	-	-	0,15	0,06	-	0,04
tae-miR9780	-	-	-	0,12	0,09	-
tae-miR9657b-3p	0,25	-	0,07	-	0,04	0,76
tae-miR9657b-5p	-	-	-	-	-	0,04

*Ta: Yüreğir-89, Tm: Siyez, Tt: Kızıltan-91

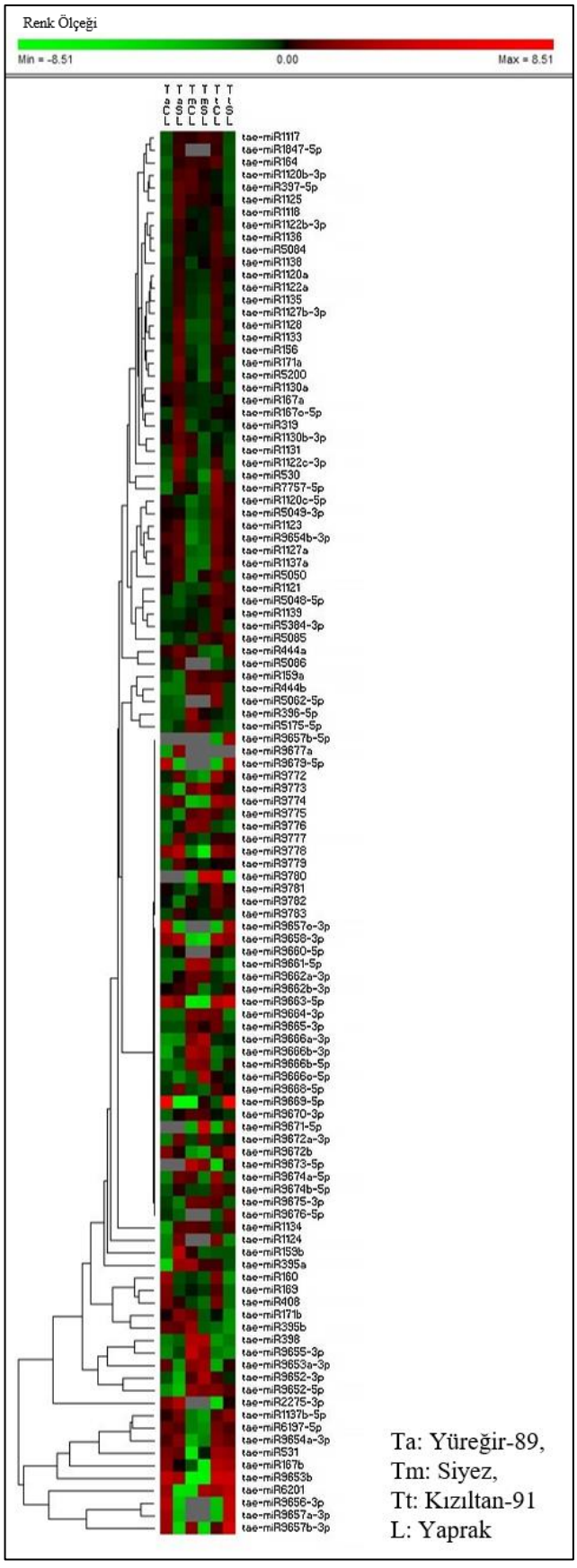
Şekil 4.24 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak örneklerinde tür spesifik ve ortak olan miRNA' lar ve ifade seviyeleri.



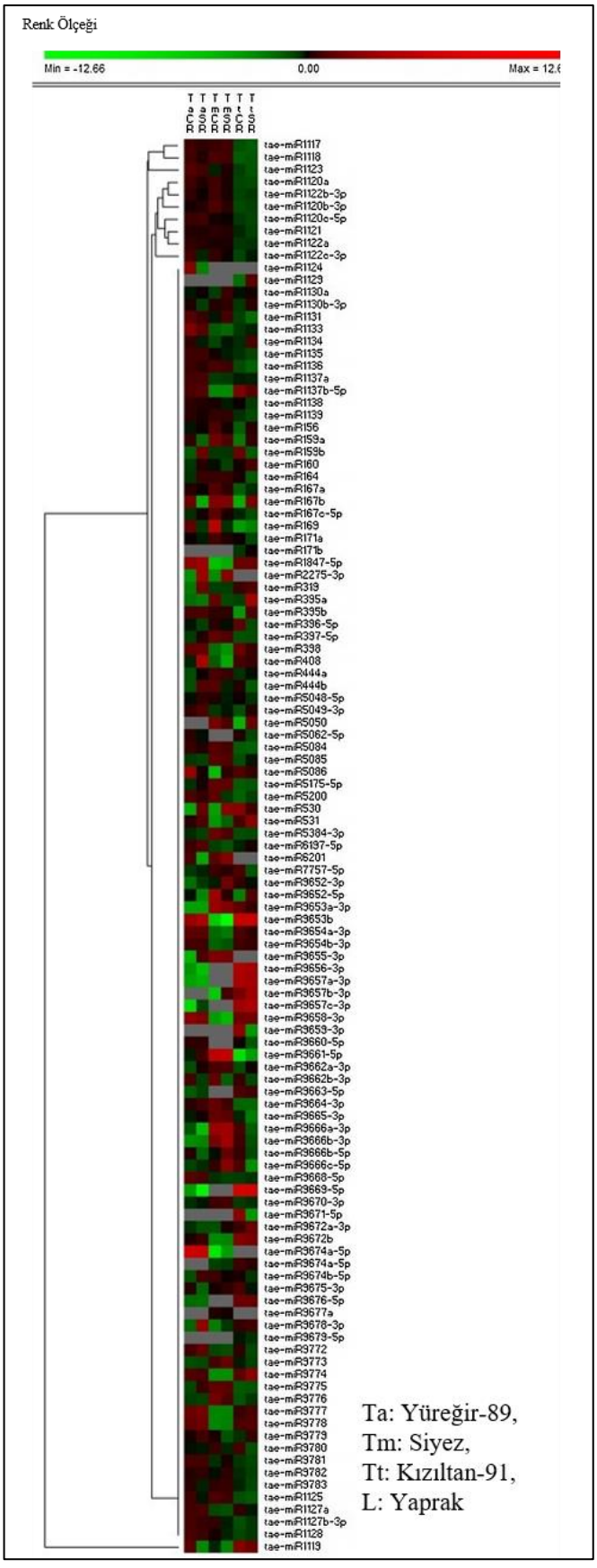
ID	Triticum aestivum		Triticum monococcum		Triticum turgidum	
	Control	Stress	Control	Stress	Control	Stress
tae-miR1124	0,03	0,03	-	-	-	-
tae-miR9677a	-	-	0,14	0,15	-	-
tae-miR5050	-	-	0,07	0,04	-	0,1
tae-miR9655-3p		0,03	0,07	0,08	-	-
tae-miR9657c-3p		0,06	-	-	1,03	2,84
tae-miR9679-5p	-	-	-	-	0,56	0,78
tae-miR9657b-3p	-	-	-	0,11	0,21	0,95
tae-miR530	-	0,03	-	0,08	0,06	0,03
tae-miR9659-3p	-	-	-	-	0,03	-
tae-miR171b	-	-	-	-	0,03	0,07
tae-miR1129	-	-	-	-	0,03	0,33
tae-miR9671-5p	-	-	-	-	0,03	-
tae-miR6201	0,03	-	0,03	0,08	-	-
tae-miR9673-5p	-	-	-	0,04	-	-
tae-miR9669-5p	0,16	-	-	-	115,33	174,4

*Ta: Yüreğir-89, Tm: Siyez, Tt: Kızıltan-91

Şekil 4.25 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök örneklerinde tür spesifik ve ortak olan miRNA' lar ve ifade seviyeleri.



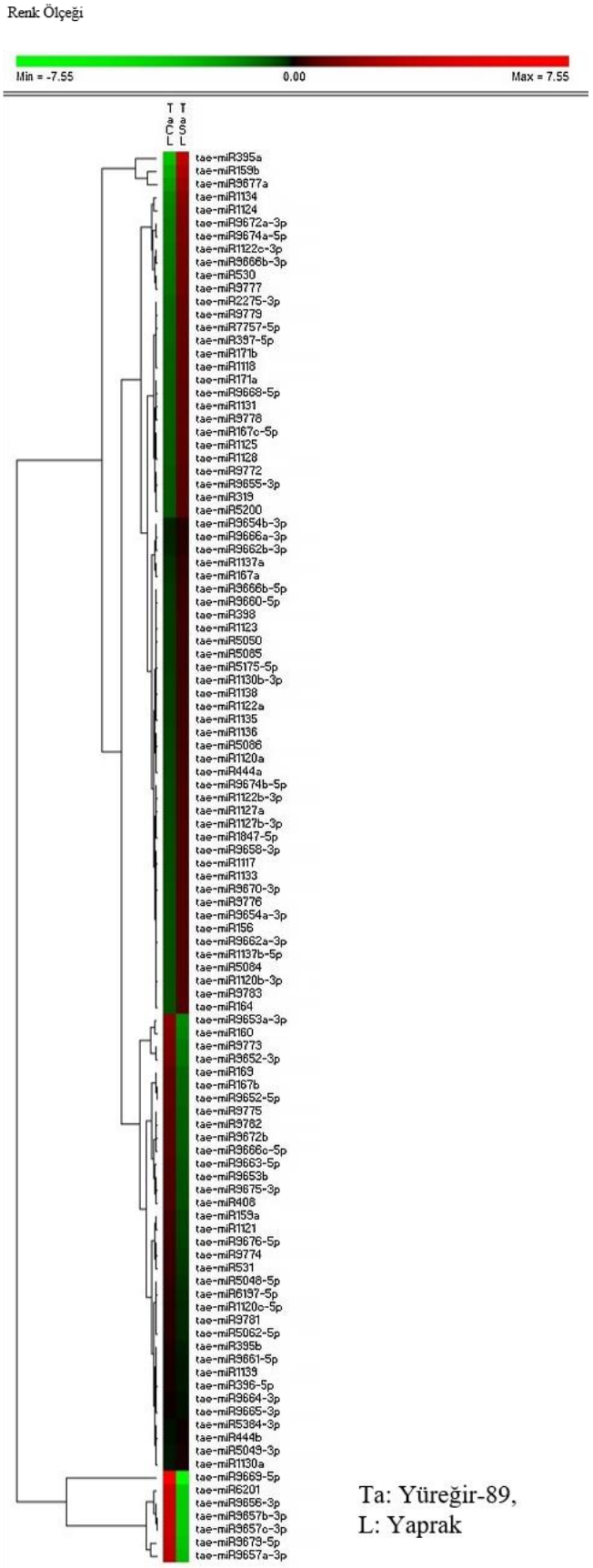
Şekil 4.26 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyeleri.



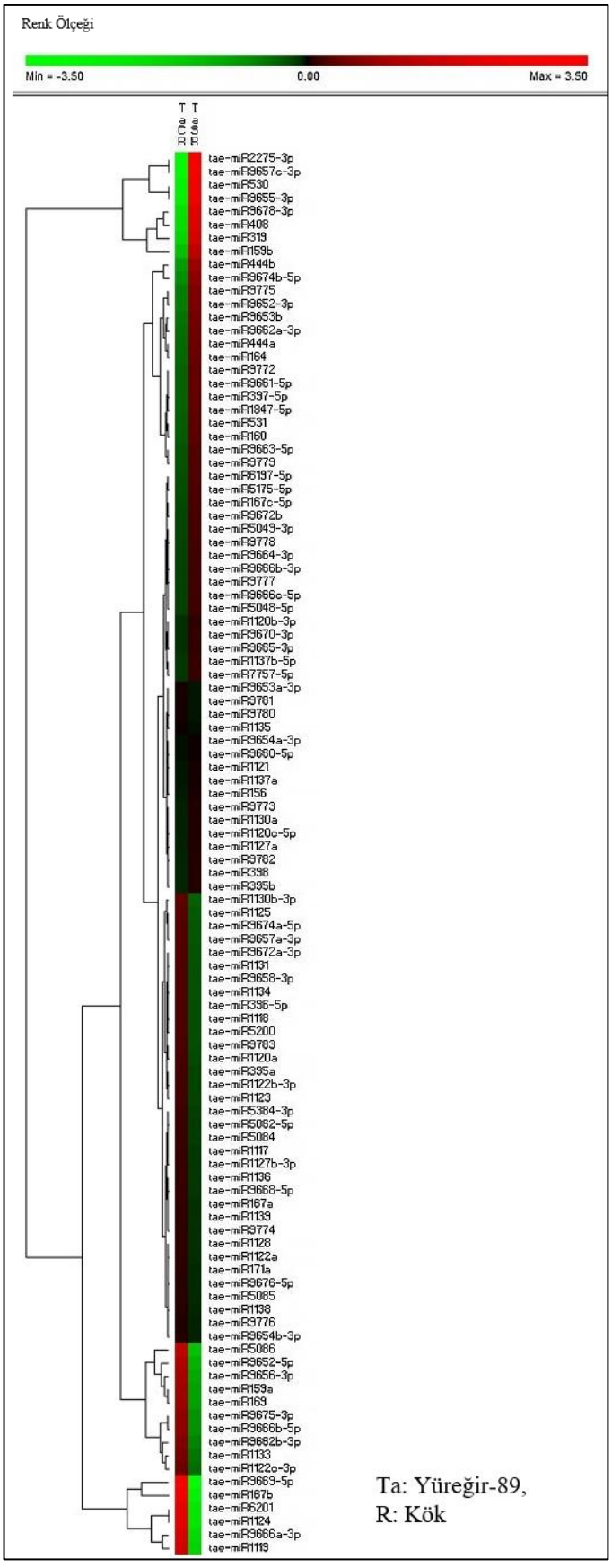
Şekil 4.27 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyeleri.

Bu genel bilgiler doğrultusunda, *T. aestivum, T. monococcum* ve *T. turgidum*'a ait miRNA kütüphanelerinin kök ve yaprak kısımlarında miRNA'ların ifade düzeyleri ayrı ayrı karşılaştırılmıştır. Başlangıç olarak *T. aestivum*'a ait yaprak örneğinde kontrol ve kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen miRNA'ların ısı haritaları hazırlanarak Şekil 4.25'te verilmiştir. Bu sonuçlara göre, 70 adet miRNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde artma gözlenirken; 37 adet miRNA'nın ise kuıraklık stresi sonrasında ifade düzeyinin azaldığı belirlenmiştir. tae-miR395a, tae-miR159b, tae-miR9672a-3p, tae-miR9674a-5p, tae-miR1122c-3p, tae-miR167c-5p miRNA' ları, kontrol örneğine göre ifadesi en belirgin ve yüksek oranda artış gösterenler arasındadır. Örnek olarak tae-miR395a, kontrol TPM değeri 3.04 bulunmuşken, kuraklık stresi sonrası TPM değeri 100.58 bulunarak yaklaşık 33 katlık artış gözlenmiştir. Literatüre göre, miR395 ailesi ATP sülfürazları ve sülfat taşıyıcıları (özellikle *SULTR2;1* geni) hedeflediği ortaya çıkarılmıştır (Dryanova vd., 2008). tae-miR159b ifadesi en yüksek olan miRNA'lardan biri olup kontrol TPM değeri 488.25 iken kuraklık stresi sonrası bu TPM değeri 5.560,93'lük bir değere ulaşmıştır. Kısaca yaklaşık olarak 11 katlık bir artış bulunmuştur. MYB transkripsiyon faktör gen ailesi miR159 ailesinin hedef gen ailesi olarak bildirilmiştir (Dryanova vd., 2008). Çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası miR159b ve miR395 ailelerinin ifade düzeylerinde artış gözlendiği literatürde gösterilmiştir (Zhou vd., 2010). Literatürdeki bu sonuçlar, çalışmamızla paralellik göstermekte olup tae-miR159b ve tae-miR395 miRNA'larının Yüreğir-89'da ifade düzeylerinin önemli ölçüde artış gösterdiği bulunmuştur.

tae-miR9669-5p, tae-miR9656-3p, tae-miR9657a-3p, tae-miR9653a-3p, tae-miR160, tae-miR9672b, tae-miR159a ise kontrole göre ekspresyon seviyesi en fazla azalan miRNA'lardır. Bunların arasında, tae-miR9669-5p'nin kontrolde TPM'I 77.75 iken, strese örneğinde 0.001 değerine düşerek 77 kat düşüş görülmüştür. Bunun yanında tae-miR159a ise kontrol TPM değeri 2654.96 iken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 726.2'ye düşerek yaklaşık 4 katlık bir düşüş bulunmuştur. Zhou vd. (2010) yaptıkları aynı çalışmada miR159a'nın çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası ifade seviyesinde düşüş gözlendiğini bildirmişlerdir. *T. aestivum*'un yaprak dokularında kuraklık stresi sonrası tae-miR159a'nın ifade düzeyinde bir azalış belirlenmiştir. Benzer şekilde kolza (*Brassica napus*) türünde tüm dokularda kadmiyum stresi ile ilişkili olarak miR160'ın ifade düzeyinde düşüş olduğu belirlenmiştir (Huang vd., 2010).



Şekil 4.28 Yüreğir-89'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri.



Şekil 4.29 Yüreğir-89'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri.

T. aestivum'a ait kök örneğinde kontrol ve kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen miRNA'ların ısı haritaları hazırlanmış Şekil 4.26'da gösterilmiştir. Bu sonuçlara göre 52 adet miRNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeylerinde artış gözlenirken 54 adet miRNA'nın ise kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinin düştüğü bulunmuştur. miRNA' lar arasında kontrole göre ifadesi en belirgin ve yüksek oranda artış gösterenler tae-miR408, tae-miR319, tae-miR159b, tae-miR9674b-5p, tae-miR9653b ve tae-miR9662a-3p' dir. Tae-miR408 için kontrol TPM değeri 0.54 bulunmuşken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 7.34 bulunarak 14 katlık artış gözlenmiştir. Tae-miR319 ve tae-miR159b miRNA'larının kuraklık stresi sonrasında ifade düzeylerindeki artış sırasıyla 10 ve 6 kat olarak belirlenmiştir. İlk olarak göze çarpan sonuç ise tae-miR159b'nin Yüreğir-89'da yaprak ve kök örneklerinde kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde belirgin bir artış gösterdiğidir. Tae-miR319'un da tae-miR159b gibi çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde artış gözlemlenmiş (Zhou vd., 2010) ve bu sonuçların çalışmamız çıktıları ile bağdaştığı tespit edilmiştir.

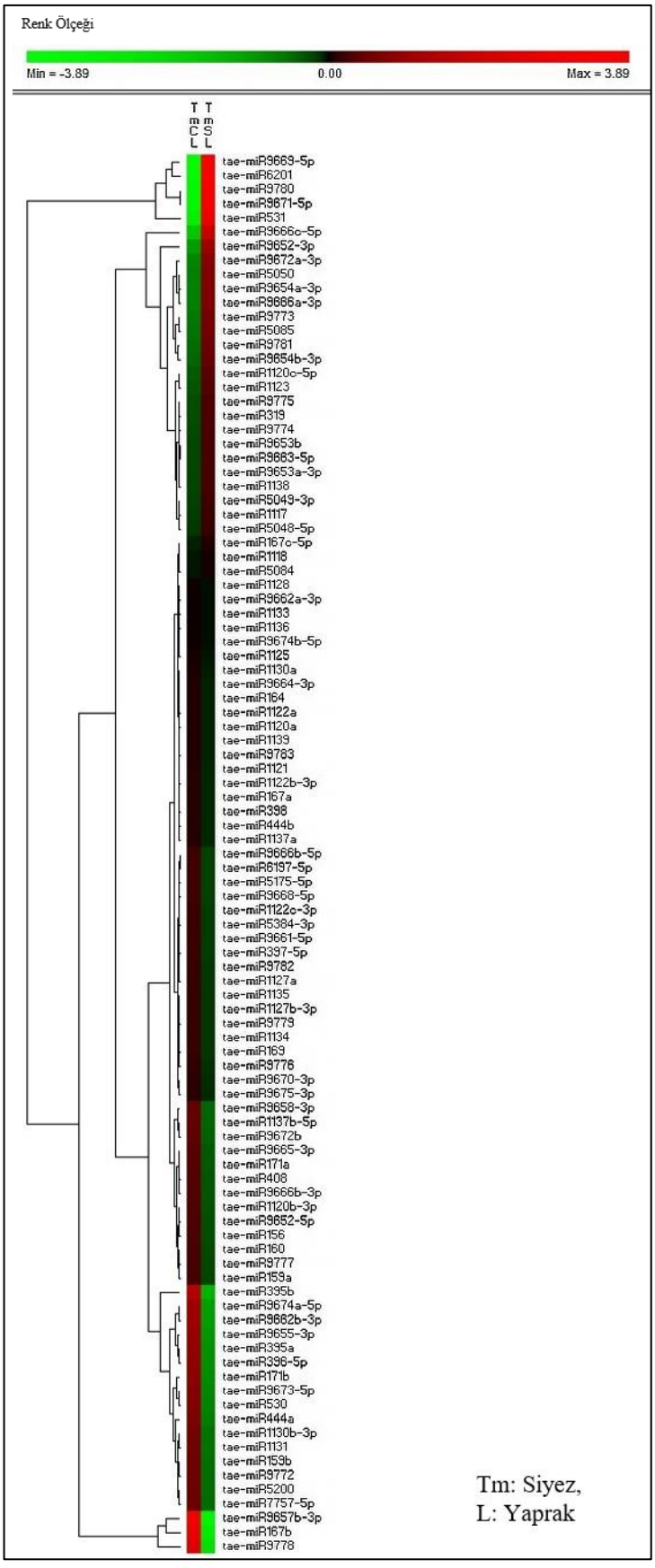
tae-miR159a, tae-miR9675-3p, tae-miR9662b-3p, tae-miR1133, tae-miR1122c-3p, tae-miR1125, tae-miR1118, tae-miR1123, tae-miR1136, tae-miR1128, tae-miR1135 ve tae-miR156 miRNA'ları *T. aestivum*'a ait kök örneğinde kontrole göre ifadesi en belirgin ve yüksek düzeyde azalanlar arasındadır. tae-miR159a yaprak örneğinde olduğu gibi kök örneğinde de ifade düzeyi en net şekilde azalan miRNA'dır. Bu miRNA'nın kontrolde TPM değeri 1 656.86, kuraklık stresi sonrası ise TPM değeri 356.38 olarak belirlenmiş yaklaşık 5 katlık düşüş hesaplanmıştır. Sonuç itibarı ile tae-miR159a'nın Yüreğir-89'da yaprak ve kök örneklerinde kuraklık stresi ile ilişkili olarak ifade düzeyinin belirgin şekilde düşüş gösterdiği saptanmıştır. Zhou vd. (2010) miR156'nın çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinin azaldığını tespit etmişlerdir. Sonuçlarımız literatür ile uygun olup miR156'nın Yüreğir-89'da kuraklık stresi sonrası ifadesinin düştüğü belirlenmiştir.

T. monococcum' a ait yaprak örneğinde kontrol ile kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen miRNA'ların ısı haritaları hazırlanmış ve şekil 4.27'da gösterilmiştir. Bu sonuçlara göre 30 adet mirNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde yükseliş gözlenirken, 69 adet miRNA'nın ise kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde düşüş gözlenmiştir. tae-miR9672a-3p, tae-miR9666a-3p, tae-miR9773, tae-miR5048-5p,

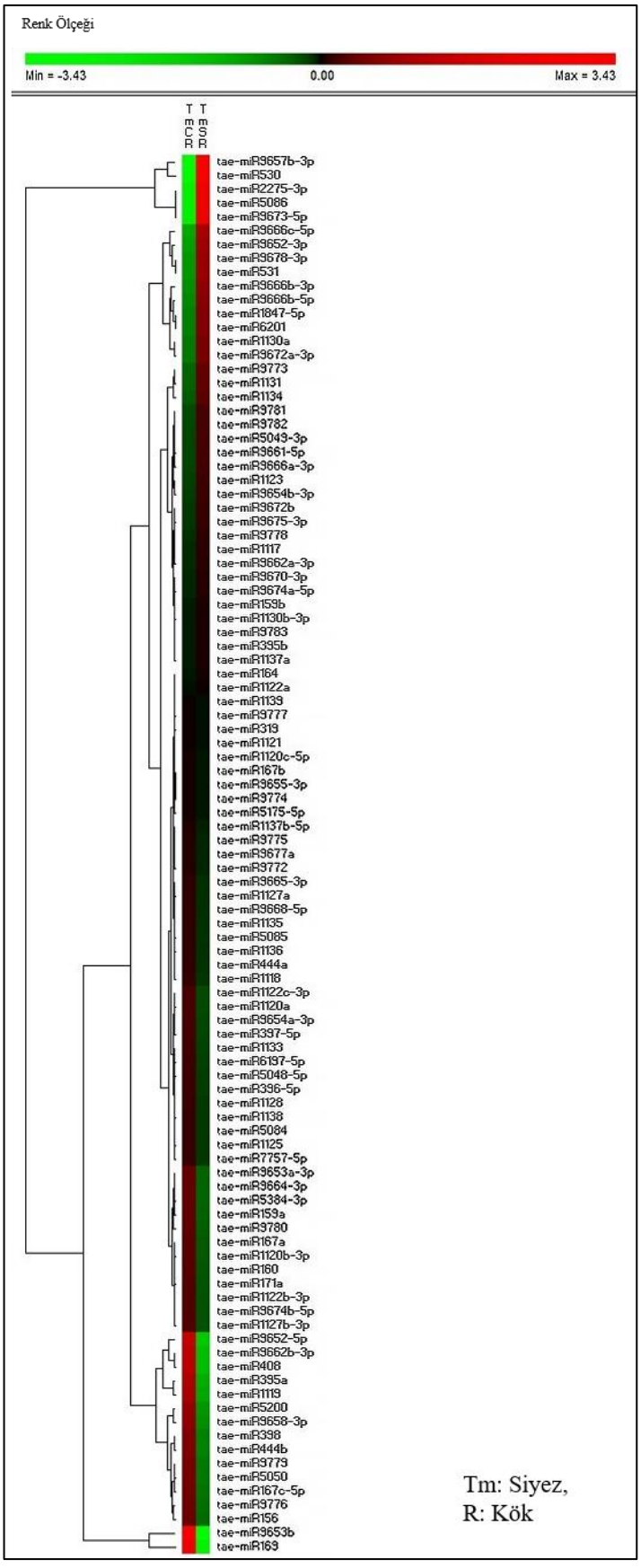
tae-miR167c-5p miRNA' ları kontrole göre ifaesi en net ve yüksek oranda yükselenler arasındadır. tae-miR9672a-3p, miRNA'lar arasında en yüksek ifade artışına sahip olup aynı zamanda *T. aestivum*'da kuraklık stresi sonrası yaprak örneinde ifadesinin arttığı belirlenmiştir. *T. monococcum*'da tae-miR9672a-3p kontrol TPM değeri 77.94 bulunmuşken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 237.32 olarak yaklaşık 3 kat artış gözlenmiştir. Huang vd. (2010) yaptığı bir çalışmada, miR167a/c'nin *Brassica napus* bitkisinde kadmiyum stresi maruziyeti sonrasında ifadesinin yüksek düzeyde arttığını bildirmiştir. *T. monococcum*'da kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde tae-miR167c'nin ifadesinin yükseldiği belirlenmiştir. Bu sonuçlar literatür ile yakınlık göstermektedir.

T. monococcum'un yaprak örneğinde kontrole göre ifadesi en belirgin ve yüksek düzeyde azalan miRNA'lar arasında tae-miR395b, tae-miR9674a-5p, tae-miR9662b-3p, tae-miR395a, tae-miR159b, tae-miR159a, tae-miR5200 sayılabilir. Detaylı incelendiğinde tae-miR395b'nin kontrolde TPM değeri 31.2 iken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 5.13 belirlenmiş ve 6 katlık düşüş bulunmuştur. tae-miR395a'nın UV stresi sonrası buğday bitkisinde ifadesinin de düştüğü gözlemlenmiştir (Wang vd., 2013). tae-miR159a'nın kontrol TPM değeri 2 745.63 iken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 2 246.37'ye gerilemiştir. Bu da 1.5 katlık bir azalışa karşılık gelmektedir. Zhou vd. (2010) tarafından gerçekleştirilen aynı araştırmada miR159a'nın çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinin azaldığı belirlenmiştir. *T. monococcum*'un yaprak dokularında da kuraklık stresi sonrası tae-miR159a'nın ifade seviyesinde bir azalış saptanmıştır. Benzer şekilde *Brassica napus* bitkisinin bütün kısımlarında kadmiyum stresi ile ilişkili olarak miR160'ın ifade düzeyinde düşüş olduğu rapor edilmiştir (Huang vd., 2010).

T. monococcum'da kök örneğinde kontrol ve kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen miRNA'ların ısı haritaları hazırlanmış ve Şekil 4.28'de verilmiştir. Bu sonuçlara göre 39 adet miRNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde yükseliş gözlenirken 62 adet miRNA'nın ise kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinin azaldığı belirlenmiştir. tae-miR9652-3p, tae-miR9666b-3p, tae-miR9672a-3p, tae-miR9662a-3p ve tae-miR159b miRNA'ları kontrole göre ifadesi en net ve yüksek oranda artanlar arasındadır. tae-miR9652-3p'nin kontrol TPM değeri 2,67 bulunmuşken kuraklık



Şekil 4.30 Siyez'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında miRNA'ların ifade seviyeleri.



Şekil 4.31 Siyez'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında miRNA'ların ifade seviyeleri.

stresi sonrası TPM değeri 11.08 bulunarak yaklaşık 4 katlık artış gözlenmiştir. En yüksek değerine sahip tae-miR9662a-3p'nin kontrol TPM değeri 1 139. 76 bulunmuşken kuraklık stresi sonrası bu değer 1.5 katlık artış göstererek1 469.37'ye çıkmıştır. Ilk öne çıkan sonuç ise tae-miR9672a-3p'nin Siyez'de yaprak ve kök örneklerinde kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde belirgin artış gösterdiğidir.

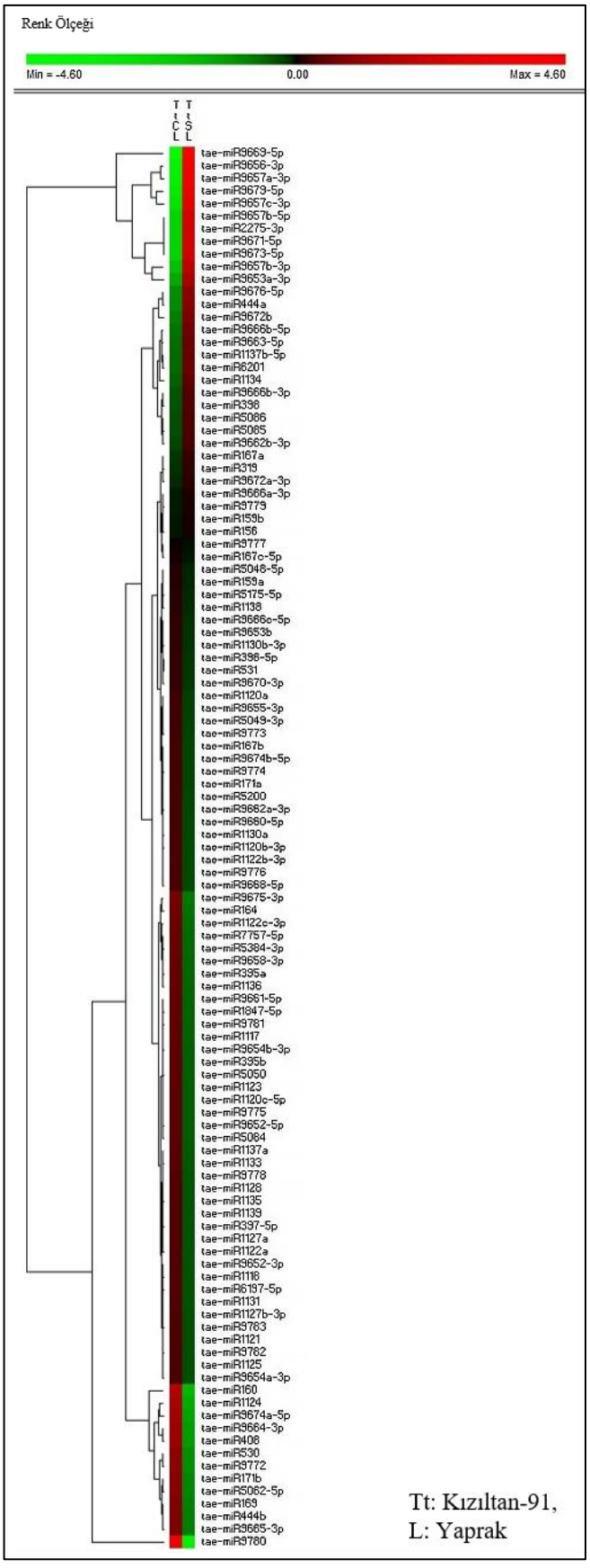
tae-miR395a/b, tae-miR9674a-5p, tae-miR9662b-3p, tae-miR159a/b ve tae-miR5200 miRNA'ları *T. monococcum*'a ait kök örneğinde kontrole göre ifadesi en net ve yüksek düzeyde azalan miRNA'lar arasındadır. Yaprak örneğiyle benzer şekilde kök örneğinde de ifade düzeyi en yüksek şekilde azalan miRNA tae-miR159a olmuştur. tae-miR159a'nın kontrolde TPM değeri 3 081.57 iken kuraklık stresi sonrası bu değer 2 217.98 olarak belirlenmiş, 1.5 katlık düşüş hesaplanmıştır. Sonuç itibari ile tae-miR159a'nın Yüreğir-89 ve Siyez'in kök ile yaprak örneklerinin her ikisinde de kuraklık stresi ile ilişkili olarak ifade düzeyinin belirgin bir şekilde düştüğü saptanmıştır. Zhou vd. (2010) miR156a'nın çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde azalış belirlemişlerdir. Sonuçlarımız literatür ile uygunluk göstermekte olup miR156'nın Siyez'de kuraklık stresi sonrası ifadesinin düştüğü tespit edilmiştir.

Şekil 4.29'da *T. turgidum durum* cv. Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz bırakılmış bireylerin yapraklarından alınan örneklerde, ifade seviyelerinde değişim olan miRNA'lar ısı haritası olarak sunulmuştur. Elde edilen sonuçlara göre, stres uygulaması sonucunda 30 adet miRNA'nın ifadesinde artış yaşanırken 80 adet miRNA'nın ifadesi azalmıştır. tae-miR9669-5p, tae-miR9656-3p, tae-miR9657a-3p, tae-miR9653a-3p, tae-miR159a/b ve tae-miR156'nın ifade seviyelerinde kontrole göre belirgin düzeyde artış dikkat çekmektedir. Bunlardan tae-miR9669-5p'nin kontrol örneğinde 0.13 olarak hesaplanan ve stres sonrasında 112.8 değerine ulaşan TPM'i yaklaşık 867 katlık bir artışa tekabül etmektedir. Bahsedilen miRNA'nın, buğdayda farklı gelişim aşamalarında ifadesinin arttığına dair bulgular yayınlanmıştır (Seifert vd., 2016). Bu sonuçlara göre, tae-miR9669-5p'in sadece abiyotik stres koşulları ile ilgili olmadığını ayrıca buğdayın gelişim sürecinde de işlevi olduğunu göstermektedir. Kontrol grubunda TPM değeri 2 339.26 olan tae-miR159a ile 1 512.41 olan tae-miR167c-5p, TPM değerleri en yüksek olan miRNA'lar olarak tespit edilmiş ve

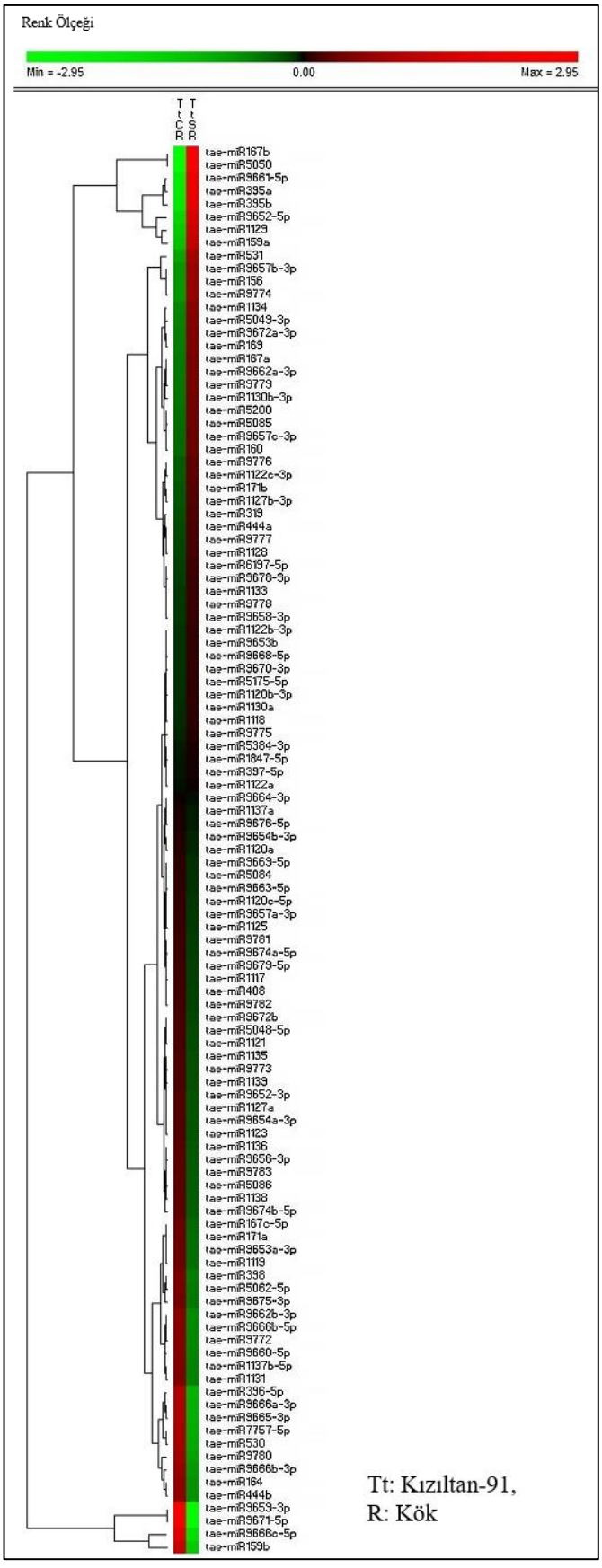
kuraklık stresinden sonra bu değerler sırasıyla 3 048.59 ve 2 155.36 olarak hesaplanmıştır. Bu sonuçlara göre, her iki miRNA'nın ifadesinde 1.5 katlık bir artış olduğu görülmüştür. Daha önceki çalışmalarda her iki miRNA'nın ifade seviyelerinin çevresel stres altında arttığı rapor edilmiştir (Alptekin vd., 2017). Buğdayla yapılan bir çalışmada, fosfat eksikliğinde miR159, miR167 ve miR408'in ifade seviyelerinde artış tespit edilmiştir (Zhao vd., 2013). Bu sonuçlar bulgularımızla benzerlik göstermektedir. Tez çalışmasında kullanılan 3 buğday çeşidinin yaprak dokularından alınan örneklerle oluşturulan miRNA kütüphanelerinin tamamı, kuraklık stresi sonrasında tae-miR159a, tae-miR159b, tae-miR167c, tae-miR9672a-3p ve tae-miR5048 miRNA'larının TPM değerlerine göre ifade seviyelerinin her 3 çeşitte de arttığını göstermektedir.

Stres uygulaması neticesinde kontrole göre ifade seviyesi anlamlı derecede ve yüksek oranda artan miRNA'lardan bazıları ise tae-miR9674a-5p, tae-miR9664-3p, tae-miR9772 ve tae-miR7757-5p'dir. Bunların arasında tae-miR9674a-5p'a göz attığımızda kontrolde 58.94 olan TPM değeri kuraklık stresi sonrasında 4 kat azalmış ve 14.19'a düşmüştür. Diğer bir örnek olarak, tae-miR7757-5p'nin kontrol grubunda 257.91 bulunan TPM değeri, kuraklık stresi uygulanmış grupta 181.16'ya gerilemiş yani 1.5 katlık bir düşüş gözlenmiştir. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91' e ait yaprak dokularından alınan örneklerle oluşturulan, miRNA kütüphanelerinin tamamında kuraklık stresi sonucunda TPM değerlerine göre ifade seviyesi düşen ortak miRNA' lar: tae-miR9674a-5p, tae-miR9664-3p ve tae-miR7757-5p' dir.

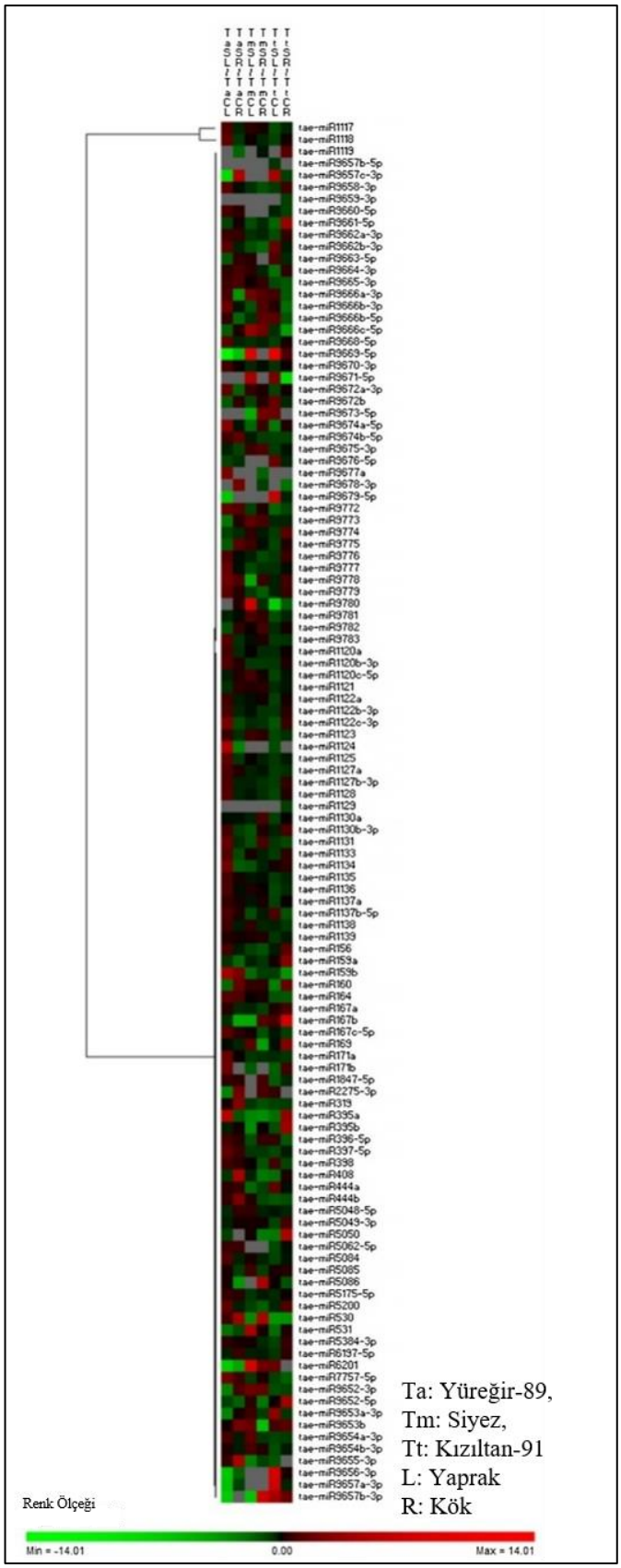
Kızıltan-91 çeşidine ait kök dokularından alınan örneklerde kuraklık stresi sonrasında ifade seviyesinde değişim yaşanan miRNA'ları gösteren ısı haritası Şekil 4.30'da gösterilmiştir. Isı haritasına göre, kuraklık stresi 50 adet miRNA'nın ifade seviyesinde artışa, 59 adet miRNA'nın ifade seviyesinde ise düşüşe sebep olmuştur. tae-miR395a, tae-miR395b, tae-miR159a, tae-miR156, tae-miR167a ve tae-miR9778, kontrole göre ifade seviyesi en bariz ve yüksek seviyede artan miRNA'lardır. Örneğin, tae-miR395a'nın TPM değeri kontrol grubunda 1.03 olarak bulunmuş, kuraklık stresi sonucunda 28 kat artarak 29.04 değerine ulaşmıştır. Kuraklık stresine bağlı olarak meydana gelen ifade seviyesindeki bu artış, tae-miR159a ve tae-miR9778'de ise 10 kat ve 2 kat olarak saptanmıştır. tae-miR159b, tae-miR319, tae-miR9662a-3p ve tae-



Şekil 4.32 Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri.



Şekil 4.33 Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında miRNA' ların ifade seviyeleri.



Şekil 4.34 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak ve kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin log2 tabanında gösterimi

miRNA id	TPM(TaCLeaf)	TPM(TaSLeaf)	log2 Ratio(TaSLeaf/TaCLeaf)
tae-miR395a	3,04	100,58	5.05
tae-miR159b	488,25	5560,93	3.51
tae-miR9672a-3p	99,03	230,6	1.22
tae-miR167c-5p	2400,14	2681,46	0.16
tae-miR1122c-3p	44,45	84,88	0.93
tae-miR9674a-5p	13,21	29,73	1.17

miRNA id	TPM(TaCRoot)	TPM(TaSRoot)	log2 Ratio(TaSRoot/TaCRoot)
tae-miR319	25,29	246,31	3.28
tae-miR159b	296,57	1645,98	2.47
tae-miR9662a-3p	510,56	777,09	0.61
tae-miR9674b-5p	38,52	87,96	1.19
tae-miR9653b	60,66	96,11	0.66
tae-miR408	0,54	7,34	3.76

miRNA id	TPM(TaCLeaf)	TPM(TaSLeaf)	log2 Ratio(TaSLeaf/TaCLeaf)
tae-miR9669-5p	77,75	0,001	-16.25
tae-miR9773	413,24	40,09	-3.37
tae-miR9672b	1233,9	223,46	-2.47
tae-miR9653b	131,53	29,34	-2.16
tae-miR159a	2654,96	726,2	-1.87
tae-miR5048-5p	286,27	99,94	-1.52
tae-miR9662b-3p	401,42	220,81	-0.86
tae-miR9774	104,22	31,57	-1.72
tae-miR9664-3p	109,66	47,97	-1.19
tae-miR9656-3p	17,69	0,07	-7.98
tae-miR9653a-3p	22,84	1,48	-3.95
tae-miR1135	425,44	301,87	-0.50
tae-miR9663-5p	30,43	6,36	-2.26
tae-miR1137a	144,74	84,67	-0.77
tae-miR160	12,2	0,88	-3.79
tae-miR1123	138,79	91,74	-0.60
tae-miR1121	21,44	5,9	-1.86
tae-miR395b	33,47	13,68	-1.29
tae-miR9675-3p	14,6	3,29	-2.15
tae-miR9657a-3p	4,47	0,04	-6.80

miRNA id	TPM(TaCRoot)	TPM(TaSRoot)	log2 Ratio(TaSRoot/TaCRoot)
tae-miR159a	1656,86	356,38	-2.22
tae-miR9662b-3p	210,93	71,2	-1.57
tae-miR1133	67,83	26,66	-1.35
tae-miR9668-5p	232,72	158,85	-0.55
tae-miR1120a	123,15	73,57	-0.74
tae-miR1128	240,42	170,43	-0.50
tae-miR156	754,52	629,69	-0.26
tae-miR1123	113,36	70,42	-0.69
tae-miR9675-3p	17,43	4,74	-1.88
tae-miR1122c-3p	32,87	14,45	-1.19
tae-miR1136	114,4	76,88	-0.57
tae-miR1135	307,71	244,54	-0.33
tae-miR1130b-3p	38,05	18,95	-1.01
tae-miR1125	30,47	15,92	-0.94
tae-miR9674a-5p	30,88	16,61	-0.89
tae-miR1122b-3p	54,72	33,84	-0.69
tae-miR1127b-3p	82,45	54,78	-0.59
tae-miR1118	40,35	23,07	-0.81

miRNA id	TPM(TmCLeaf)	TPM(TmSLeaf)	log2 Ratio(TmSLeaf/TmCLeaf)
tae-miR9672a-3p	77,94	237,32	1.61
tae-miR9773	495,98	1240,44	1.32
tae-miR167c-5p	1079,61	1265,62	0.23
tae-miR5048-5p	126,7	171,33	0.44
tae-miR9666a-3p	6,56	17,9	1.45

miRNA id	TPM(TmCRoot)	TPM(TmSRoot)	log2 Ratio(TmSRoot/TmCRoot)
tae-miR9662a-3p	1139,76	1469,37	0.37
tae-miR9666b-3p	14,45	46,68	1.69
tae-miR159b	370,24	457,5	0.31
tae-miR9672a-3p	14,83	35,55	1.26
tae-miR9652-3p	2,67	11,08	2.05

miRNA id	TPM(TmCLeaf)	TPM(TmSLeaf)	log2 Ratio(TmSLeaf/TmCLeaf)
tae-miR9662b-3p	289,29	78,76	-1.88
tae-miR159b	625,35	336,74	-0.89
tae-miR159a	2745,63	2246,37	-0.29
tae-miR395a	102,61	33,18	-1.63
tae-miR395b	31,2	5,13	-2.60
tae-miR9655-3p	41,13	12,53	-1.71
tae-miR7757-5p	105,36	60,19	-0.81
tae-miR5200	98,14	55,54	-0.82
tae-miR9674a-5p	22,77	5,99	-1.93
tae-miR1130b-3p	58,44	29,51	-0.99

miRNA id	TPM(TmCRoot)	TPM(TmSRoot)	log2 Ratio(TmSRoot/TmCRoot)
tae-miR9662b-3p	254,48	47,88	-2.41
tae-miR167c-5p	1141,8	683,95	-0.74
tae-miR156	1146,72	763,51	-0.59
tae-miR159a	3081,57	2217,98	-0.47
tae-miR9776	286,96	180,3	-0.67
tae-miR9653a-3p	322,00	224,3	-0.52
tae-miR9664-3p	352,49	252,05	-0.48
tae-miR9779	73,78	42,15	-0.81
tae-miR169	7,73	0,23	-5.07
tae-miR9652-5p	6,13	0,87	-2.82

miRNA id	TPM(TtCLeaf)	TPM(TtSLeaf)	log2 Ratio(TtSLeaf/TtCLeaf)
tae-miR9669-5p	0,13	112,8	9.76
tae-miR9672b	352,22	1481,8	2.07
tae-miR9662b-3p	153,16	323,74	1.08
tae-miR167c-5p	1512,41	2155,36	0.51
tae-miR159a	2339,26	3048,59	0.38
tae-miR159b	375,97	569,58	0.60
tae-miR156	338,95	513,07	0.60
tae-miR9656-3p	0,09	18,79	7.71
tae-miR9663-5p	17,26	57,34	1.73
tae-miR9672a-3p	93,46	158,4	0.76
tae-miR9676-5p	3,14	17,07	2.44
tae-miR5048-5p	231,55	306,11	0.40
tae-miR9657a-3p	0,04	7,17	7.49
tae-miR9653a-3p	0,99	10,02	3.34

miRNA id	TPM(TtCRoot)	TPM(TtSRoot)	log2 Ratio(TtSRoot/TtCRoot)
tae-miR159a	260,5	2455,18	3.24
tae-miR156	305,36	1361,06	2.16
tae-miR9672a-3p	42,33	141,4	1.74
tae-miR9662a-3p	435,6	1345,59	1.63
tae-miR9779	57,06	175,24	1.62
tae-miR319	118,59	262,47	1.15
tae-miR9778	1139,96	2229,74	0.97
tae-miR9653b	286,78	541,23	0.92
tae-miR395a	1,08	29,04	4.82
tae-miR9776	48,74	119,57	1.29
tae-miR1128	76,44	159,58	1.06
tae-miR1130b-3p	21,34	62,85	1.56
tae-miR9670-3p	69,41	130,27	0.91
tae-miR9668-5p	66,41	124,99	0.91
tae-miR9672b	398,7	527,82	0.40
tae-miR1127b-3p	24,28	55,84	1.20
tae-miR9669-5p	115,33	174,4	0.60
tae-miR167a	9,32	28,98	1.64
tae-miR9777	25,75	54,53	1.08
tae-miR9664-3p	59,3	98,39	0.73
tae-miR5048-5p	197,82	258,69	0.39
tae-miR1137a	53,62	86,84	0.70
tae-miR1122c-3p	11,61	28,23	1.28
tae-miR395b	0,24	6,1	4.67
tae-miR1122b-3p	23,2	43,93	0.92

miRNA id	TPM(TtCLeaf)	TPM(TtSLeaf)	log2 Ratio(TtSLeaf/TtCLeaf)
tae-miR9664-3p	176,42	50,57	-1.80
tae-miR9674a-5p	58,94	14,19	-2.05
tae-miR7757-5p	257,91	181,16	-0.51
tae-miR9772	22,14	8,54	-1.37

miRNA id	TPM(TtCRoot)	TPM(TtSRoot)	log2 Ratio(TtSRoot/TtCRoot)
tae-miR159b	1674,54	439,12	-1.93
tae-miR7757-5p	235,75	115,00	-1.04

Ta: Yüreğir-89,
Tm: Siyez,
Tt: Kızıltan-91
L: Yaprak
R: Kök

Şekil 4.35 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak ve kök dokularında ortak olan miRNA'lardan ifadesi en belirgin ve yüksek seviyede artan veya azalan miRNA' ların buğday çeşitlerine göre listelenmesi

miR9672a-3p ise kuraklık stresi sonrasında her üç çeşitte de ifade seviyesi artan miRNA'lardır. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kök ve yaprak dokularında ifadelerinde artış görülen miRNA'lar benzerlik göstermektedir. Kuraklık stresi sonrasında tae-miR159a, tae-miR159b ve tae-miR167c' nin ifade seviyeleri bariz bir şekilde yükseldiği saptanmıştır. Çevresel streslerin bahsi geçen miRNA'ların ifade edilmelerini uyararak artışa sebep olduğu başka çalışmalarda da tespit edilmiştir (Alptekin vd., 2017).

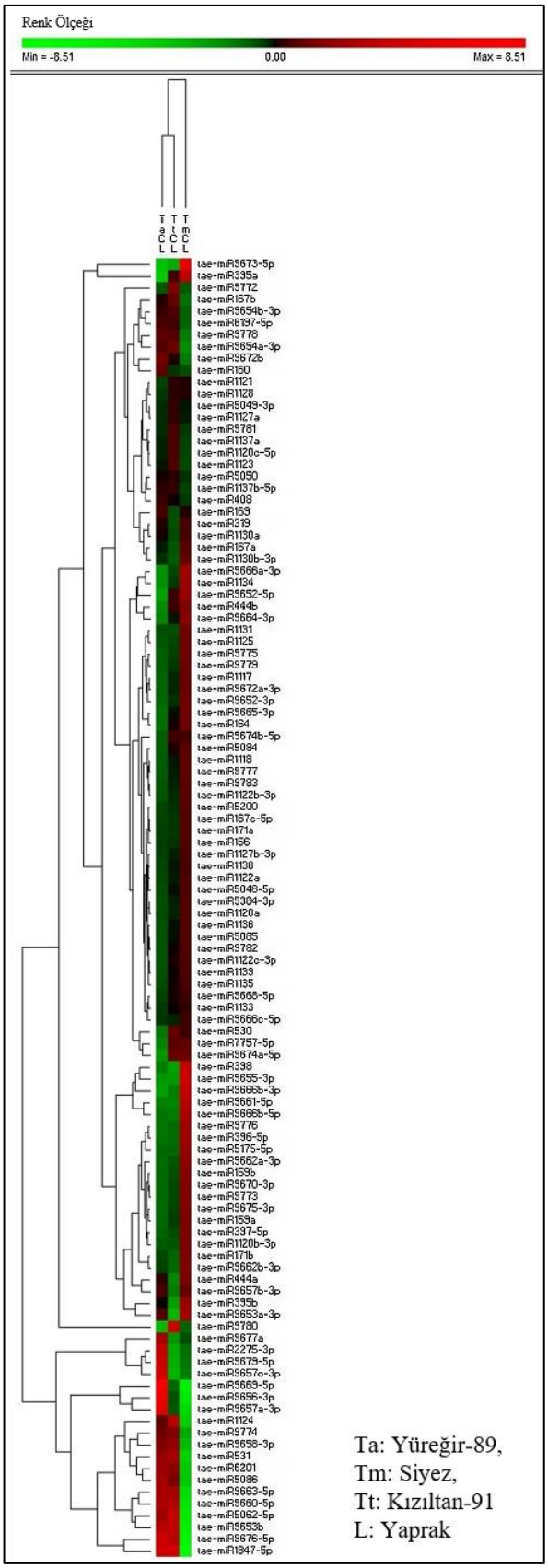
Kızıltan-91'in kök dokularından alınan örneklerde tae-miR159b ve tae-miR7757-5p'nin kontrole göre ifade seviyelerinde meydana gelen baskılanma dikkate değer düzeydedir. tae-miR7757-5p'nin ifade seviyesi, yaprak dokusuna benzer şekilde kök dokusunda da bariz olarak düşmüştür ve kontrol grubunda TPM değeri 235.75 iken kuraklık stresi uygulanması sonucu 2 kat azalış ile 115.00 değerine gerilemiştir. Sonuç olarak bu miRNA'nın ifadesinin, Kızıltan-91'e ait hem kök hem de yaprak dokularında kuraklık stresi nedeniyle belirgin biçimde baskılandığı görülmüştür. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91' e ait kök dokularından alınan örneklerle oluşturulan, miRNA kütüphanelerinin tamamında kuraklık stresi sonucunda TPM değerlerine göre ifade seviyesi düşen ortak miRNA' lar: tae-miR9662b-3p ve tae-miR7757-5p' dir.

Şekil 4.31'de yukarıda sunulan analizlerin tümü tek bir ısı haritası üzerinde özet olarak gösterilmiştir. Ayrıca her bir buğday çeşidine ait kök ve yaprak dokularının, kontrol ve kuraklık stresi uygulanmış örneklerinde miRNA'ların log2 tabanına göre ifade seviyeleri hesaplanarak, bariz derecede artış veya azalış gösteren miRNA'lar, her bir çeşit için TPM ve log2 tabanına göre artış/azalış değerlerini gösterecek şekilde ayrı ayrı listelenmiştir (Şekil 4.31).

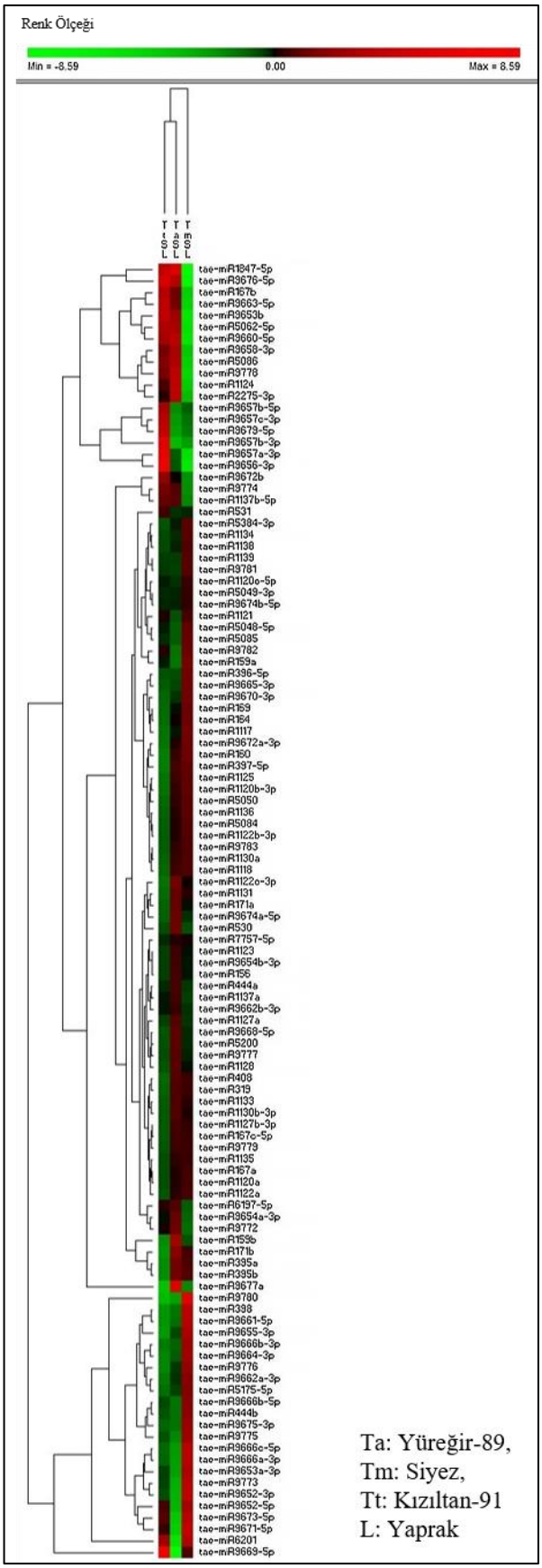
Her bir buğday çeşiti için kontrole göre kuraklık stresi örneklerinin karşılaştırılmasından sonra, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'in kök ve yaprak dokularından örneklerle kurulan kontrol ve kuraklık stresi miRNA kütüphanelerinden yararlanılarak, miRNA'ların ifade seviyeleri türler arasında da karşılaştırılmıştır. Öncelikle Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol grubu yaprak örneklerinde bulunan ortak miRNA'lar ve bu miRNA'ların ifade düzeyleri Şekil 4.32'de ısı haritası şeklinde verilmiştir. Başlangıç olarak, filogenetik ağaca göre Siyez'e ait miRNA'ların

Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'e ait olanlardan farklılaştığı gözlemlenmiştir. Bunun yanında Siyez'e ait olan miRNA'ların birçoğunun, kontrol grubu yaprak örneğinde ifadelerinin yüksek olduğu saptanmıştır. tae-miR167a, tae-miR1130b-3p, tae-miR9666a-3p, tae-miR1134, tae-miR1131, tae-miR1125, tae-miR9775, tae-miR9779, tae-miR1117, tae-miR9672a-3p, tae-miR9652-3p, tae-miR9665-3p, tae-miR1118 ve tae-miR9777 miRNA'ları örnek gösterilebilir. Bunların arasından tae-miR9780, tae-miR5049-3p, tae-miR1127a, tae-miR9781, tae-miR1137a, tae-miR1120c-5p ve tae-miR1123 miRNA'ları sadece Kızıltan-91'de kontrol yaprak dokularında ifade düzeyinin yüksek olduğu belirlenmiştir. Bunların yanı sıra, Yüreğir-89'da tae-miR9777a, tae-miR2275-3p, tae-miR9679-5p, tae-miR9657c-3p, tae-miR9669-5p, tae-miR9656-3p, tae-miR9657a-3p ve tae-miR160 miRNA' larının kontrol örneklerinde ifadelerinin yüksek düzeyde olduğu tespit edilmiştir.

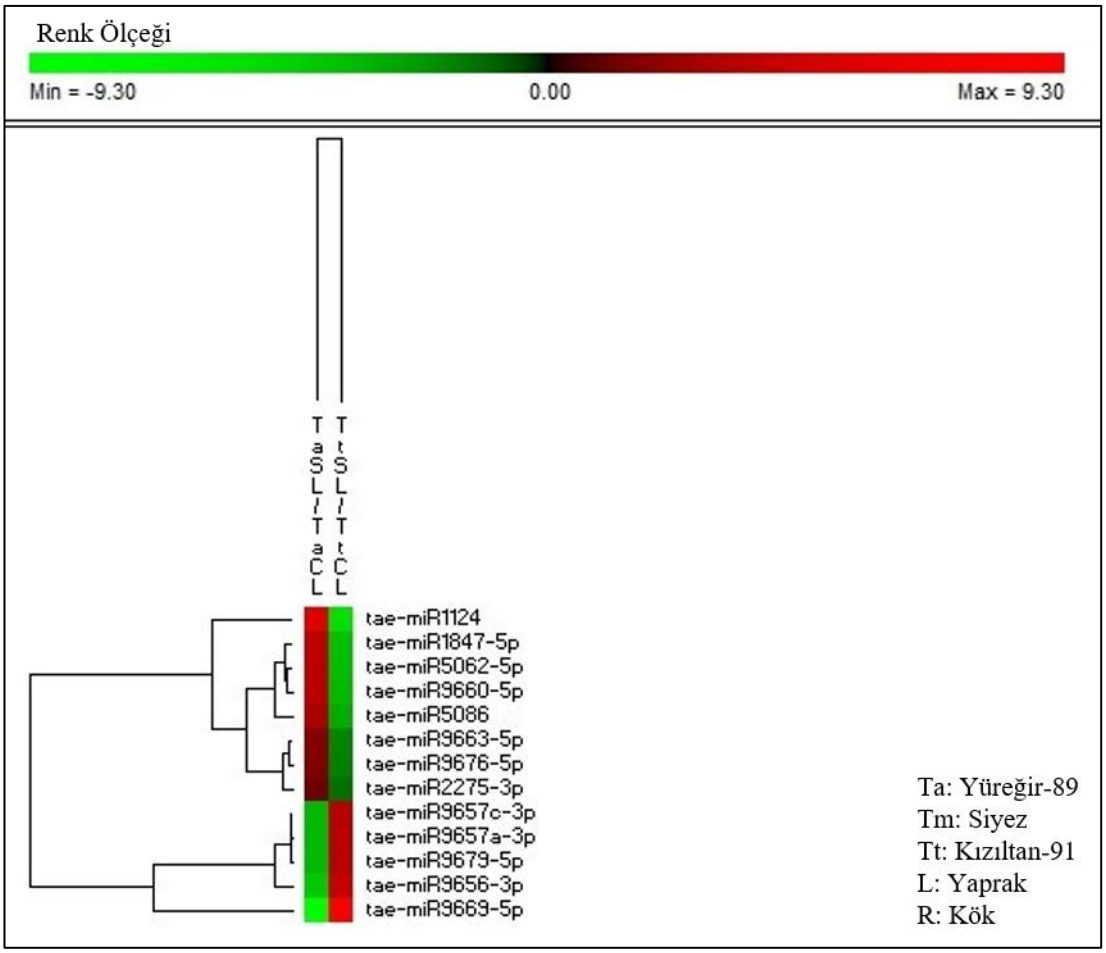
Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kuraklık stresi uygulanan yaprak örneklerinde bulunan ortak miRNA'lar ve bu miRNA'ların ifade düzeyleri Şekil 4.33'te ısı haritası şeklinde sunulmuştur. Kontrol yaprak dokularında mevcut olduğu gibi filogenetik ağaca göre Siyez'e ait miRNA'lar Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'e ait olanlardan farklılık göstermiştir. tae-miR9777a, tae-miR159b, tae-miR9777, tae-miR5200, tae-miR9668-5p, tae-miR1127a, tae-miR1137a, tae-miR444a, tae-miR1123, tae-miR156 miRNA'ları Yüreğir-89'da kuraklık stresi sonrası ifadesi yükselenler arasındadır. Bunların arasında bulunan tae-miR9777a, Yüreğir-89 çeşitinin kök ve yaprak örneklerinde ifadesi yüksek olan miRNA'lar arasındadır. Kızıltan-91'de kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinin yüksek olduğu miRNA'lar: tae-miR9657b-5p, tae-miR9657c-3p, tae-miR9679-5p, tae-miR9657b-3p, tae-miR9657a-3p, tae-miR9656-3p, tae-miR531'dir. Siyez yaprak örneğinde kuraklık stresi altında ifade düzeyi yükselen miRNA'lar ise: tae-miR1134, tae-miR1134, tae-miR1138, tae-miR1139, tae-miR9781, tae-miR1120c-5p, tae-miR5049-3p, tae-miR9674b-5p, tae-miR5048-5p, tae-miR5085, tae-miR159a, tae-miR396-5p, tae-miR9665-3p, tae-miR9670-3p, tae-miR169, tae-miR1117, tae-miR9780, tae-miR9773, tae-miR9652-3p'dir. Siyez yaprak örneğinde kontrol ve stres koşullarında ifadelerinin yüksek olduğu görülen miRNA'lar ise, tae-miR1134, tae-miR9666a-3p, tae-miR9664-3p, tae-miR9775, tae-miR9652-3p, tae-miR9665-3p, tae-miR1138, tae-miR9773'tür.



Şekil 4.36 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi.



Şekil 4.37 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi.



Şekil 4.38 Sadece Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'da bulunan ve Siyez' de bulunmayan kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin log2 tabanında gösterimi.

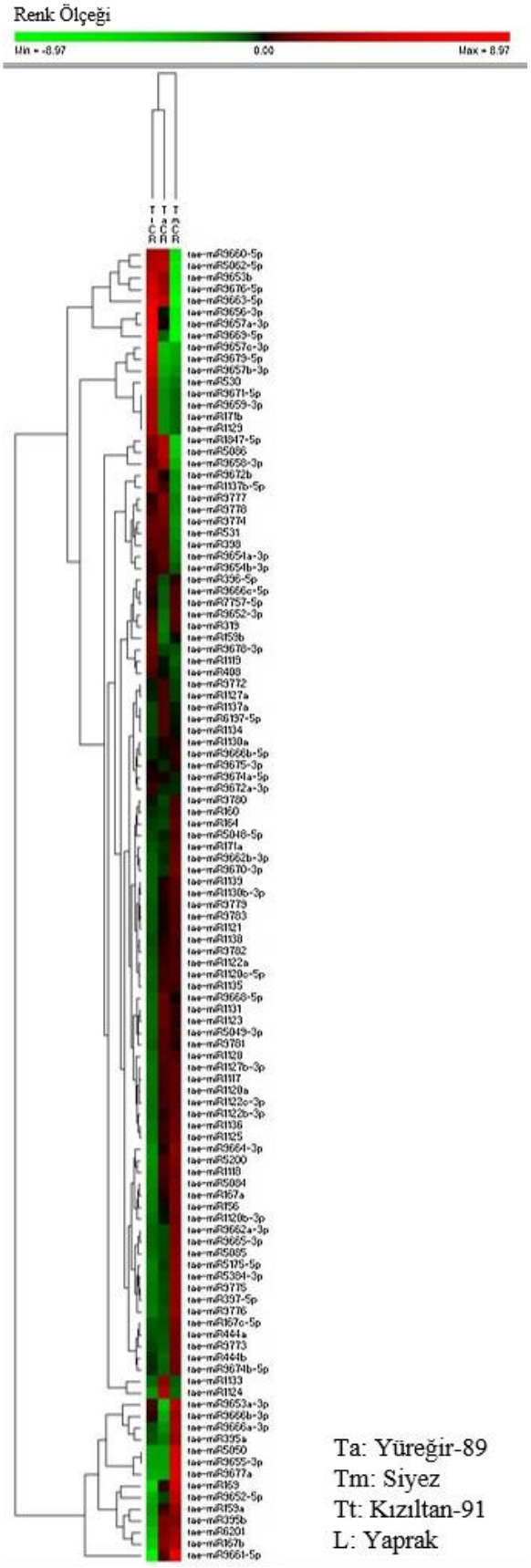
Sadece Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'de bulunan ancak Siyez'de mevcut olmayan kontrol ve kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde ortak miRNA'ların ifade düzeylerinin log2 tabanında ısı haritası şeklinde gösterimi Şekil 4.34'te verilmiştir. Isı haritasında kırmızı renkle verilen miRNA'lar kontrolde ifadesi düşük olup stres sonrası ifadesi yükselenlerdir.

Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol grubunda yetiştirilen kök örneklerindeki ortak miRNA'lar ve bu miRNA'ların ifade düzeyleri Şekil 4.35'de ısı haritası şeklinde verilmiştir. Başlangıçta, filogenetik ağaca göre Siyez'e ait miRNA'ların Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'e ait olanlardan farklılaştığı tespit edilmiştir. tae-miR9772, tae-miR1127a, tae-miR1137a, tae-miR6197-5p, tae-miR1134, tae-miR1133, tae-miR1124 miRNA'ları, Yüreğir-89 kök örneğinde kontrol ortamında ifade düzeyi yüksek olanlardır. Bunun yanında, tae-miR9656-3p, tae-miR9657a-3p,

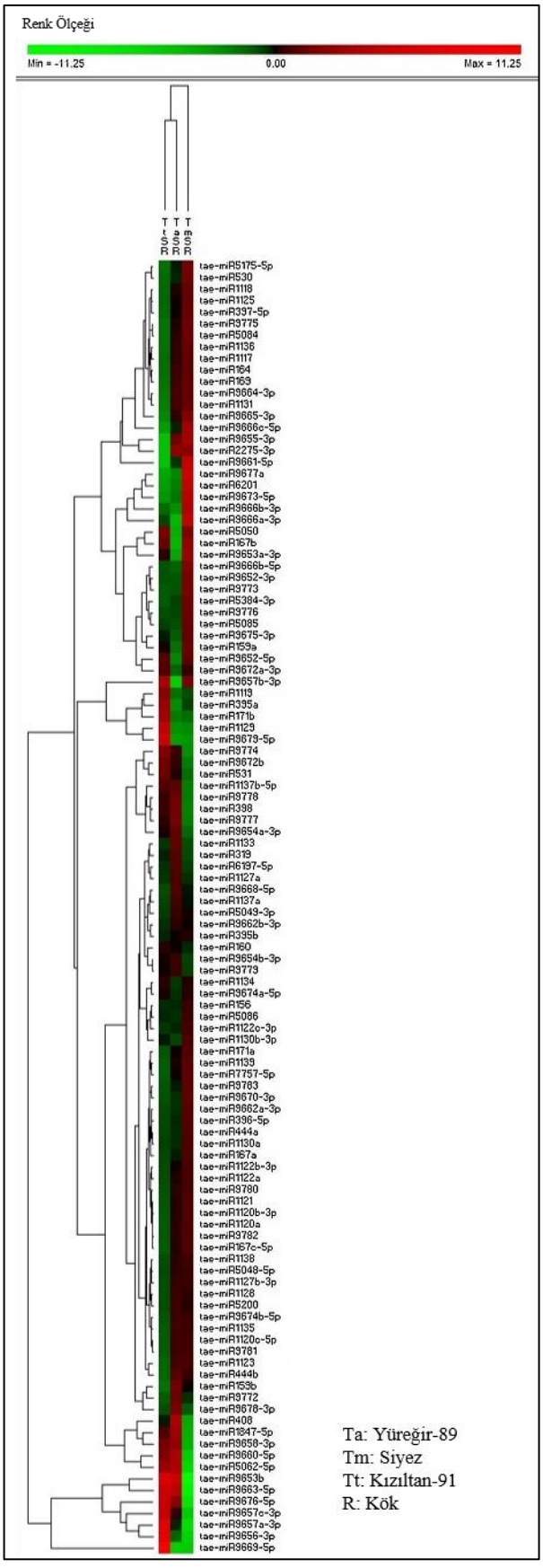
tae-miR9669-5p, tae-miR9657c-3p, tae-miR9679-5p, tae-miR9657b-3p, tae-miR530, tae-miR9671-5p, tae-miR9659-3p, tae-miR171b, tae-miR1129 miRNA'ları Kızıltan-91 kontrol kök dokularında ifade düzeyi yüksek olan miRNA'lardır. Siyez'de ise tae-miR9662a-3p, tae-miR9665-3p, tae-miR5085, tae-miR5175-5p, tae-miR5384-3p, tae-miR9775, tae-miR397-5p, tae-miR9776, tae-miR167c-5p, tae-miR444a, tae-miR9773, tae-miR444b, tae-miR5050, tae-miR9655-3p ve tae-miR9677a miRNA'larının kontrol grubunda ifade düzeylerinin yüksek olduğu saptanmıştır. Bununla birlikte, tae-miR9655-3p, tae-miR167a, tae-miR9776, tae-miR397-5p Siyez'in kontrol grubu kök ve yaprak örneklerinde yüksek ifade düzeyine sahiptir.

Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kuraklık stresi ile yetiştirilen kök örneklerindeki ortak miRNA'lar ve bunların ifade düzeyleri Şekil 4.36'da ısı haritası şeklinde verilmiştir. Kontrol kök dokularında olduğu gibi filogenetik ağaca göre Siyez'e ait miRNA'lar Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'e ait olanlardan farklılık göstermiştir. Sadece Kızıltan-91'de kuraklık stresi sonrası ifade seviyesi artan miRNA'lar tae-miR1119, tae-miR395a, tae-miR171b, tae-miR1129, tae-miR9679-5p, tae-miR9657a-3p, tae-miR9656-5p, tae-miR9669-5p'dir. Bunlar arasından tae-miR171b, tae-miR1129, tae-miR9679-5p ve tae-miR9669-5p, Kızıltan-91'de kök ve yaprak örneklerinde ifadesi yüksek olan miRNA'lar arasında bulunmaktadır. Yüreğir-89'da kuraklık stresi sonrası kök örneğinde ifade düzeyi yükselen miRNA'lar tae-miR1133, tae-miR319, tae-miR6197-5p, tae-miR1127a, tae-miR9668-5p, tae-miR1137a, tae-miR9772, tae-miR9678-3p ve tae-miR408'dir. tae-miR1137a tae-miR6197-5p, tae-miR1127a, tae-miR1133 Yüreğir-89'da kök ve yaprak örneklerinde kuraklık stresi sonrası ifadesi yüksek olan miRNA'lar arasındadır.

Siyez kök örneğinde kuraklık stresi sonrasında tae-miR5175, tae-miR530, tae-miR9661-5p, tae-miR9677a, tae-miR6201, tae-miR9673-5p, tae-miR9666b-3p, tae-miR9666a-3p, tae-miR9773, tae-miR9652-3p, tae-miR5085 miRNA'larının ifade düzeyi artmıştır. Siyez'de stres altında yaprak ve kök örneğinde ifadesi artan miRNA'lar tae-miR9773, tae-miR9652-3p tae-miR5085'dir.

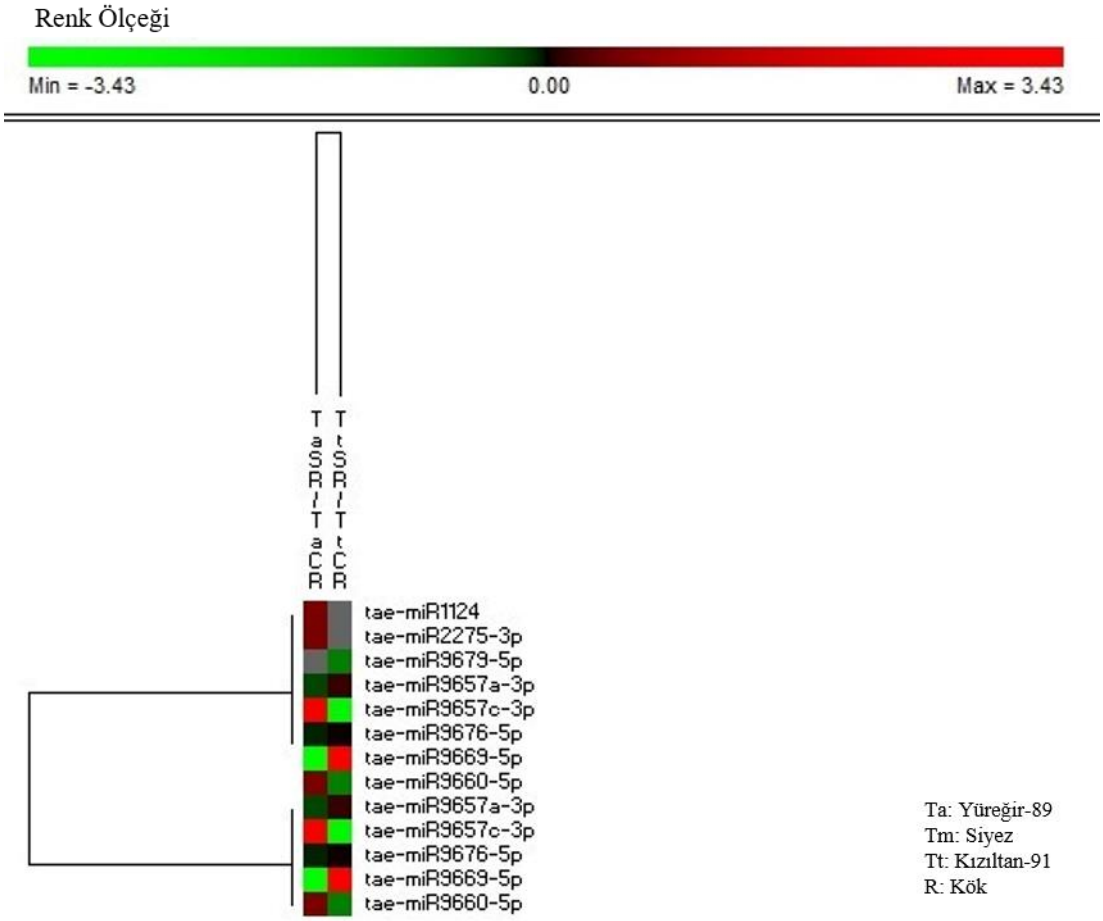


Şekil 4.39 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi.



Şekil 4.40 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin gösterimi.

Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'de bulunan buna karşılık Siyez'de bulunmayan, kontrol ve kuraklık stresi sonrası kök örneklerinde ki ortak miRNA'ların ifade düzeyleri log2 tabanında ısı haritası şeklinde Şekil 4.37'de verilmiştir. Isı haritasında kırmızı renkle gösterilen miRNA'lar kontrolde ifadesi düşük olan ancak stres sonrası ifadesi yükselenlerdir.



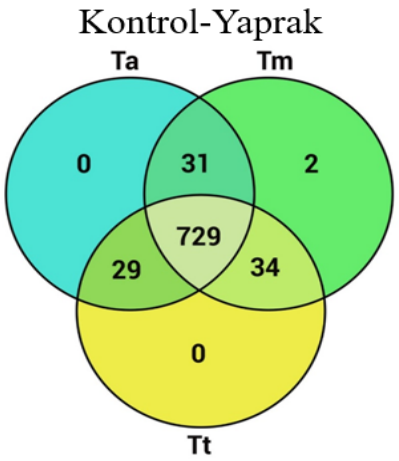
Şekil 4.41 Sadece Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'da bulunan ve Siyez' de bulunmayan kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında ortak olan miRNA' ların ifade seviyelerinin log2 tabanında gösterimi.

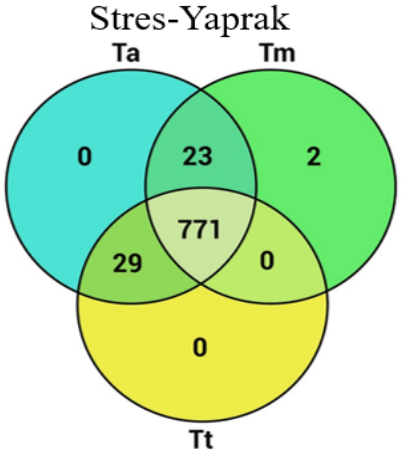
4.4.2 miRNA Hedefe Genlerinin Analizi

Tür spesifik ve ortak miRNA'ların hedef genleri, kök ve yaprak dokularının kontrol ve kuraklık stresi uygulanmış örnek grupları için biyoinformatik yöntemler kullanılarak tespit edilmiştir. Bunun yanında, tür spesifik veya ortak olarak belirlenen tüm hedef genlerin anotasyonları yapılmıştır.

Kontrol ve strese maruz bırakılmış Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 bireylerinden alınan yaprak örneklerinde tespit edilen miRNA'ların hedeflediği genler, biyoinformatik programlar aracılığı ile analiz edilerek belirlenmiş ve Şekil 4.38'de Venn Diyagramı olarak gösterilmiştir. Sonuç olarak, tespit edilen miRNA'lar tarafından hedeflenen genlerden kontrol grubu yaprak örnekleri için 729, stres grubu yaprak örnekleri için ise 771 tanesinin tüm buğday çeşitlerinde ortak olduğu ortaya çıkmıştır. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve stres grubu yaprak örneklerinde yapılan analizler sonucunda belirlenen miRNA hedef genleri ve bu genlerin anotasyonlarına ait veriler sayfaya sığmayacağından EK TABLO 1'de sunulmuştur. Belirlenen miRNA'ların hedeflediği genler arasında birbirinden farklı fonksiyonlara sahip genler tespit edilmiştir. Örneğin tae-miR9661-5p'nin, Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein ailesine dâhil olan Traes_4AL_D8CCE0D2E ve Traes_4BS_5EC01BC81 genlerini hedeflediği tespit edilmiş ve bu genlerin olası fonksiyonu immün sistem düzenleyici (SRFR1) olarak belirlenmiştir (Nguyen vd., 2016).

Kontrol ve strese maruz bırakılmış Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 bireylerinden alınan kök örneklerinde tespit edilen miRNA'ların hedeflediği genler, biyoinformatik programlar aracılığı ile analiz edilerek belirlenmiş ve Şekil 4.39'da Venn Diyagramı olarak gösterilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre, tespit edilen miRNA'lar tarafından hedeflenen genlerden kontrol grubu kök örnekleri için 775, stres grubu kök örnekleri için ise 776 tanesinin tüm buğday çeşitlerinde ortak olduğu ortaya çıkmıştır. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve stres grubu kök örneklerinde yapılan analizler sonucunda belirlenen miRNA hedef genleri ve bu genlerin anotasyonlarına ait veriler sayfaya sığmayacağından EK TABLO 2'de sunulmuştur. Örneğin, Traes_5AL_500FF0B72 ve Traes_5AL_60D577E34 genlerinin tae-miR5062-5p tarafından hedeflendiği belirlenmiş, bu genlerin olası fonksiyonu olarak gen susturma yolağında önemli rol aldıkları rapor edilmiştir (Höck ve Meister, 2008). Bu gen ailesinin çoğu organizma tarafından sürekli olarak ifade edildiği; embriyo gelişimi, hücre farlılaşması ve transpozon susturma gibi pekçok süreçte rol oynadığı bilinmektedir. Yapılan analizler sonucunda, tae-miR5062-5p'nin hedeflediği bu genlerin Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'de bulunurken, Siyez'de bulunmadıkları görülmüştür.

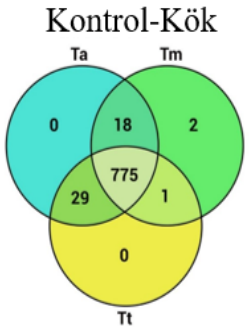


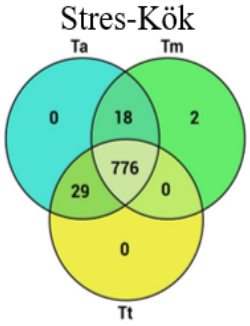


		Triticum aestivum		Triticum monococcum		Triticum turgidum		
miRNA ID	Target ID	Control	Stress	Control	Stress	Control	Stress	Target Description
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E	+	+	+	+	-	-	Glikozil hidrolaz 9B10
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D	+	+	-	+	+	-	Transmembran protein-bağlantılı
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA	+	+	+	+	-	+	Mitokondriyal olarak hedeflenen tek sarmallı DNA bağlayıcı protein
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A	+	+	-	+	+	-	Transmembran protein-bağlantılı
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD	+	+	+	+	-	+	Peptidaz S24/S26A/S26B/S26C ailesi protein
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152	+	+	+	+	-	+	Got1/Sft2-benzeri vezikül taşıma protein ailesi
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1	+	+	+	+	-	-	Başlıca kolaylaştırıcı süper ailesi protein
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11	+	+	+	+	-	-	Başlıca kolaylaştırıcı süper ailesi protein
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432	+	+	+	+	-	+	Metakaspaz 4
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0	+	+	+	+	-	+	Bitki stearoil-açil-taşıyıcı-protein desatüraz ailesi proteini
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390	+	+	+	+	-	+	Ubikuitin-özgü proteaz 13
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4	+	+	-	+	+	-	alfa/beta-Hidrolaz süperaile protein
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0	+	+	-	+	+	-	Nuclear fusion defective 6
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F	+	+	+	+	-	+	Ribozomal protein L18ae ailesi
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68	+	+	+	+	-	+	
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E	+	+	+	+	-	-	Tetratrikopeptit tekrar (TPR)-benzeri süper ailesi protein
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81	+	+	+	+	-	-	Tetratrikopeptit tekrar (TPR)-benzeri süper ailesi protein
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158	+	+	+	+	-	+	Alfa-L-arabinofuranosidaz 1
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72	+	+	-	+	+	-	Argonat ailesi protein
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34	+	+	-	+	+	-	Argonat ailesi protein
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4	+	+	-	+	+	-	BRCT domain içeren DNA onarım proteini
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3	+	+	-	+	+	-	BRCT domain içeren DNA onarım proteini
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72	+	+	+	+	-	-	TRICHOME BIREFRINGENCE-benzeri 33
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8	+	+	-	+	+	-	Demir taşıyıcı SufD stabilizatörü / Polinükleotidil transferaz
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04	+	+	+	+	-	+	Kalmodulin bağlayıcı protein, varsayılan, ifade edilmiş
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832	+	+	-	+	+	-	BRCT domain içeren DNA onarım proteini
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763	+	+	-	+	+	-	Demir taşıyıcı SufD stabilizatörü / Polinükleotidil transferaz
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2	+	+	+	+	-	+	Ribozomal protein S11-beta
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55	+	+	+	+	-	+	
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6	+	+	-	+	+	-	Haloasit dehalojenaz benzeri hidrolaz (HAD) süper aile proteini
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09	+	+	+	+	-	-	Aldehit dehidrojenaz 2C4
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E	-	+	+	+	+	+	çinko mafsal ailesi proteini, ifade edilmiş
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C	-	+	+	+	+	+	Malektin/reseptör benzeri protein kinaz ailesi proteini
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D	-	+	+	+	+	+	yağ asidi redüktaz 4
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331	-	+	+	+	+	+	
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15	-	+	+	+	+	+	OsSPL2 - SBP-box gen ailesi üyesi, ifade edilmiş
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6	-	+	+	+	+	-	Mitokondriyal transkripsiyon sonlandırma faktörü ailesi proteini
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3	-	+	+	+	+	+	RNA polimeraz II büyük alt birim
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1	-	+	+	+	+	+	RNA polimeraz II büyük alt birim
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567	-	+	+	+	+	+	RNA polimeraz II büyük alt birim
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7	-	+	+	+	+	+	
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46	+	+	+	+	-	+	pleiotropik ilaç direnci 9
tae-miR1134	Traes_1AL_AF222553D	-	-	+	+	-	-	RAC-benzeri 3
tae-miR5050	Traes_7DS_A9CCF5A83	-	-	+	+	-	-	

*Ta: Yüreğir-89, Tm: Siyez, Tt: Kızıltan-91, +: Gösterilen miRNA' nın hedef geninin bulunduğu koşul, -: Gösterilen miRNA' nın hedef geninin bulunmadığı koşul

Şekil 4.42 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında türe özgü ve ortak olan miRNA' ların hedef gen sayıları ve onların anotasyon bilgileri.





		Triticum aestivum		Triticum monococcum		Triticum turgidum		
miRNA_Acc.	Target_Acc.	Control	Stress	Control	Stress	Control	Stress	Target_Desc.
tae-miR1134	Traes_1AL_AF222553D	-	-	+	+	-	-	RAC-benzeri 3
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E	+	+	+	+	-	-	Glikozil hidrolaz 9B10
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1	+	+	+	+	-	-	Major kolaylaştırıcı süper ailesi protein
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11	+	+	+	+	-	-	Major kolaylaştırıcı süper ailesi protein
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E	+	+	+	+	-	-	Tetratrikopeptit tekrar (TPR)-benzeri süper ailesi protein
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7	-	+	+	+	+	+	
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81	+	+	+	+	-	-	Tetratrikopeptit tekrar (TPR)-benzeri süper ailesi protein
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72	+	+	+	+	-	-	TRICHOME BIREFRINGENCE-benzeri 33
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09	+	+	+	+	-	-	Aldehit dehidrojenaz 2C4
tae-miR5050	Traes_7DS_A9CCF5A83	-	-	+	+	-	-	
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D	+	+	-	-	+	+	Transmembran protein-bağlantılı
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A	+	+	-	-	+	+	Transmembran protein-bağlantılı
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4	+	+	-	-	+	+	alfa/beta-Hidrolaz süperaile protein
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0	+	+	-	-	+	+	Nuclear fusion defective 6
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72	+	+	-	-	+	+	Argonat ailesi protein
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34	+	+	-	-	+	+	Argonat ailesi protein
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4	+	+	-	-	+	+	BRCT domain içeren DNA onarım proteini
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3	+	+	-	-	+	+	BRCT domain içeren DNA onarım proteini
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8	+	+	-	-	+	+	Demir taşıyıcı SufD stabilizatörü / Polinükleotidil transferaz
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832	+	+	-	-	+	+	BRCT domain içeren DNA onarım proteini
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763	+	+	-	-	+	+	Demir taşıyıcı SufD stabilizatörü / Polinükleotidil transferaz
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6	+	+	-	-	+	+	Haloasit dehalojenaz benzeri hidrolaz (HAD) süper aile proteini

*Ta: Yüreğir-89, Tm: Siyez, Tt: Kızıltan-91, +: Gösterilen miRNA' nın hedef geninin bulunduğu koşul, -: Gösterilen miRNA' nın hedef geninin bulunmadığı koşul

Şekil 4.43 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında türe özgü ve ortak olan miRNA' ların hedef gen sayıları ve onların anotasyon bilgileri.

Biyoinformatik yöntemlerin yanında, tür spesifik ve ortak miRNA'ların hedef genleri, kök ve yaprak dokularının kontrol ve kuraklık stresi uygulanmış örnek grupları için ayrıca Degradom analizi kullanılarak tespit edilmiştir. Degradom analizi aracılığı ile, kontrol ve stres uygulanmış Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 bireylerinde belirlenen miRNA'lar tarafından hedeflenen genler tespit edildikten sonra, bulunan genlerin ifade seviyelerinde meydana gelen değişimler kök ve yaprak dokuları için ayrı ayrı ısı haritaları kullanılarak görselleştirilmiştir. Degradom analizinden elde edilen sonuçlara göre yaprak dokusunda 351 adet hedef genin bulunduğu ortaya çıkarılmıştır. Tüm buğday çeşitleri için belirlenen bu hedef genlerin ifade seviyelerindeki değişimler ısı haritası olarak hazırlanış olup, şeklin boyutları sayfaya sığmayacak kadar büyük olduğundan EK ŞEKİL 1'de sunulmuştur.

Traes_3B_5EFB9A61F hedef geni tüm buğday çeşitlerinde yüksek seviyede ifade edilen genlerden biridir. GO analiz sonuçlarına göre bu gen "stripe rust resistance protein, Yr10" olarak fonksiyon göstermektedir. Yine, Traes_6DL_5282E0007 hedef geninin kuraklıkla ilişkili olduğu bilinmekte ve "aspartic proteinase nepenthesin-2" genini kodlamaktadır. *Arabidopsis*'te yapılan bir çalışmada bu genin ABA bağımlı kuraklık cevabında rolü olduğu ve yüksek seviyede ifade edildiği durumda *Arabidopsis*'in kuraklığa dayanıklı hale gelmesini sağladığı rapor edilmiştir (Yao vd., 2012). Dikkat çeken diğer bir hedef gen ise Traes_5AS_BDFB08E23 olup, GO analizi sonucunda "resistance protein LR10" genini kodladığı tespit edilmiştir. Bahsedilen genin kuraklık stresi sonrası her üç buğday türünde de ifadesinin baskılandığı tespit edilmiştir.

Benzer olarak kök örneğinde degradom analizi sonrası 356 adet hedef gen bulunmuştur. 3 buğday türünde de kök örneğinde degradom analizi sonrası saptanan bu hedef genlerin ifade düzeyindeki farklılıklar ısı haritası olarak çizilmiş, şeklin boyutları sayfaya sığmayacak kadar büyük olduğundan EK ŞEKİL 2'de sunulmuştur. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 kök örneğinde kuraklık stresi sonrası ilk olarak göze çarpan, ifadesinde yükseliş belirlenen Traes_3B_F07C33521 hedef genidir. GO analizi bu genin "NB-ARC domain-containing disease resistance protein" fonksiyonuna sahip olduğunu açığa çıkarmıştır. Bu proteinin işlevi bitkilerde patojeni

tanıma ve sonrasında bitkisel bağışıklık sisteminin cevabı ile ilişkilendirilmiştir (van Ooijen vd., 2008).

Degradom analiz sonuçları kontrol örneklerinde ifade edilmeyen ancak kuraklık stresi sonrasında ifade düzeyi yükselen hedef genlerin ısı haritaları hazırlanmış, Şekil 4.40'ta verilmiştir. Öne çıkan hedef genlerden biri tüm buğday çeşitlerinde yaprak örneğinde yüksek ifade edilen Traes_7AL_EE3CD1CF3 hedef geni olup GO analizine göre "auxin response factor 10" geni olarak isimlendirilmektedir. Bu gen ARF olarak kısaltılıp oksin cevap yolu ile hedef geni ve transkripsiyon faktörlerini düzenlemektedir. Bunlar promotor bölgedeki "auxin response DNA elements (AuxRE)" olarak isimlendirilen bölgelere bağlanarak bu genlerin aktivasyon ve inaktivasyonundan sorumludur (Li vd., 2016). Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'in kontrol grubu örneklerinde ifade edilmeyen ancak kuraklık stresi sonrasında ifade seviyesi yükselen hedef genlerden biri olan bu genin, çoğu transkripsiyon faktörünün düzenlenmesinde rolü olması, kuraklığa karşı verilen cevapta 3 buğday türünün de benzer mekanizmaları izleyebileceğini göz önüne getirmektedir.

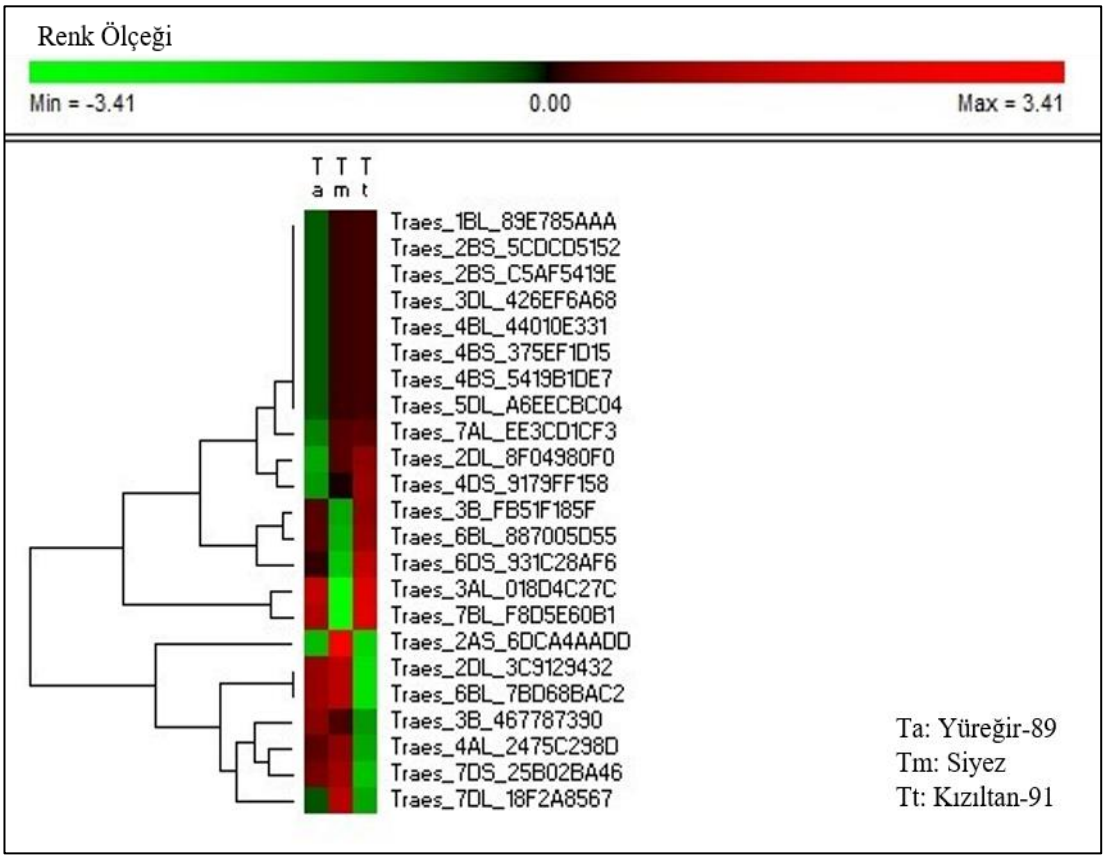
Bunun yanında Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kök ve yaprak örneklerinde kontrol ve stres sonrası miRNA'ların degradom analizi ile bulunan hedef genleri, bunların anotasyon bilgileri, PFAM numaraları, en iyi *Arabidopsis* ve Çeltik gen karşılıkları ile miRNA ve hedef genlerin istatistik bilgileri EK TABLO 3'te verilmiştir.

Ayrıca hedef genlerin farklı ploidi düzeylerine sahip buğday çeşitlerinde kuraklık stresi ile ilişkili moleküler mekanizmaları daha iyi anlaşılması için web tabanlı MapMan Site of Analysis (http://mapman.gabipd.org/) kullanılarak yolak analizi gerçekleştirilmiştir. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'de miRNA'ların hedef genlerinin MapMan kullanılarak 35 farklı yolakta mevcut olmaları ve bu hedef genlerin genel görünümü Şekil 4.41''de verilmiştir. Şekilde verilen her bir renkli kutucun bir hedef geni göstermektedir. Bu sayede MapMan veri tabanı içeriğindeki bütün yolaklarda miRNA'ların hedeflediği genlerin genel görünümü gösterilmiştir.

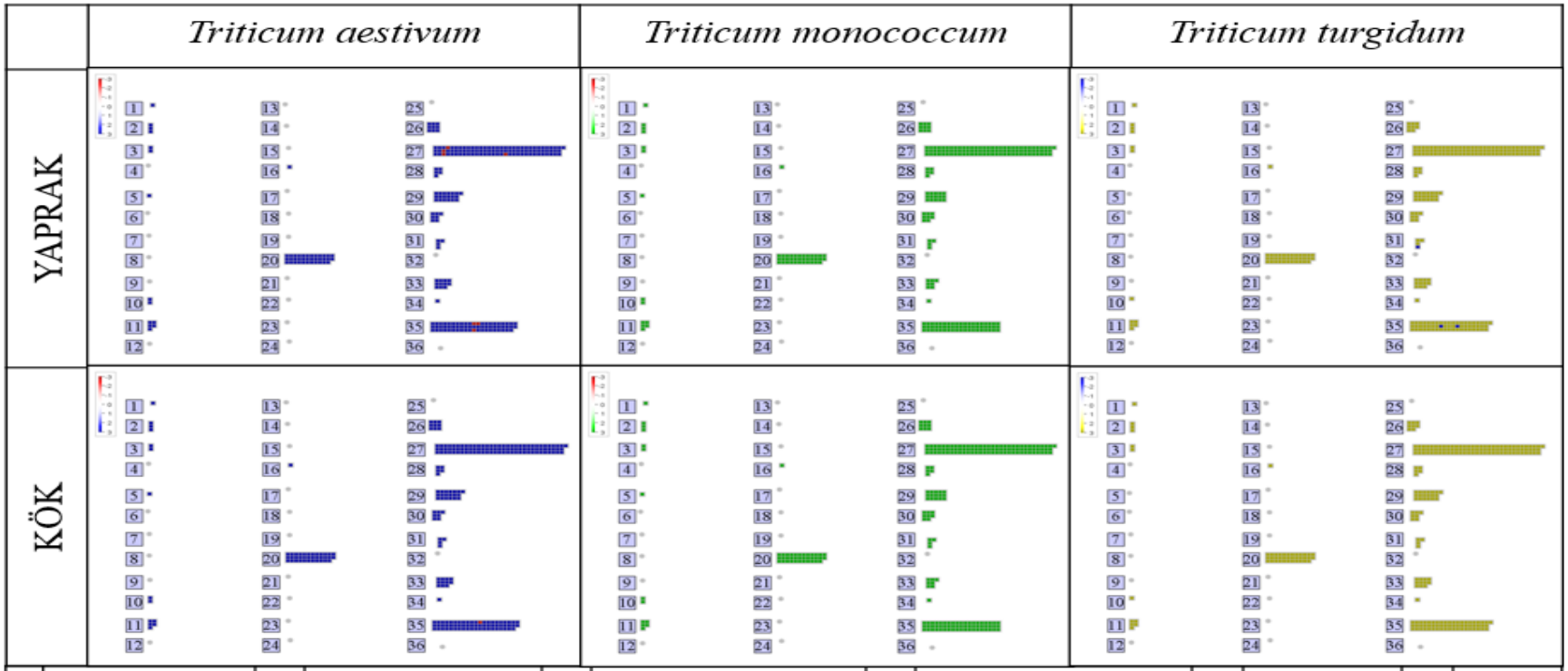
MapMan veri tabanındaki biyolojik stres yolağı incelendiğinde tüm türlerde benzer hedef genler saptanmıştır. Şekil 4. 42'de abiyotik faktörler ve sinyal yolakları ile bazı

transkripsiyon faktör aileleri (Ör: ERF, WRKY, MYB), ısı şoku ve PR proteinler miRNA'ların hedef genleri arasında bulunmaktadır. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'de bulunan bu hedef genler aynı gen ailelerine ait olup bunların 3 türde de homolog oldukları söylenebilir.

Benzer olarak Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 için MapMan veritabanında mevcut bütün transkripsiyon faktör ailelerinin miRNA hedef genleri Şekil 4.43'te verilmiştir. AP2EREBP, MADS, MYB, NAC, GRAS, WRKY ve SBP transkripsiyon faktör aileleri bütün türler için kuraklık stresi sonrası hedeflenen transkriptler arasında yer almaktadır. miRNA'ların en bilinen hedefleri transkripsiyon faktörleridir. Bunun yanında hücre fonksiyonları, regülasyon ve RNA-protein ilişki yolaklarını gösteren MapMan grafikleri EK ŞEKİL 3'te verilmiştir.



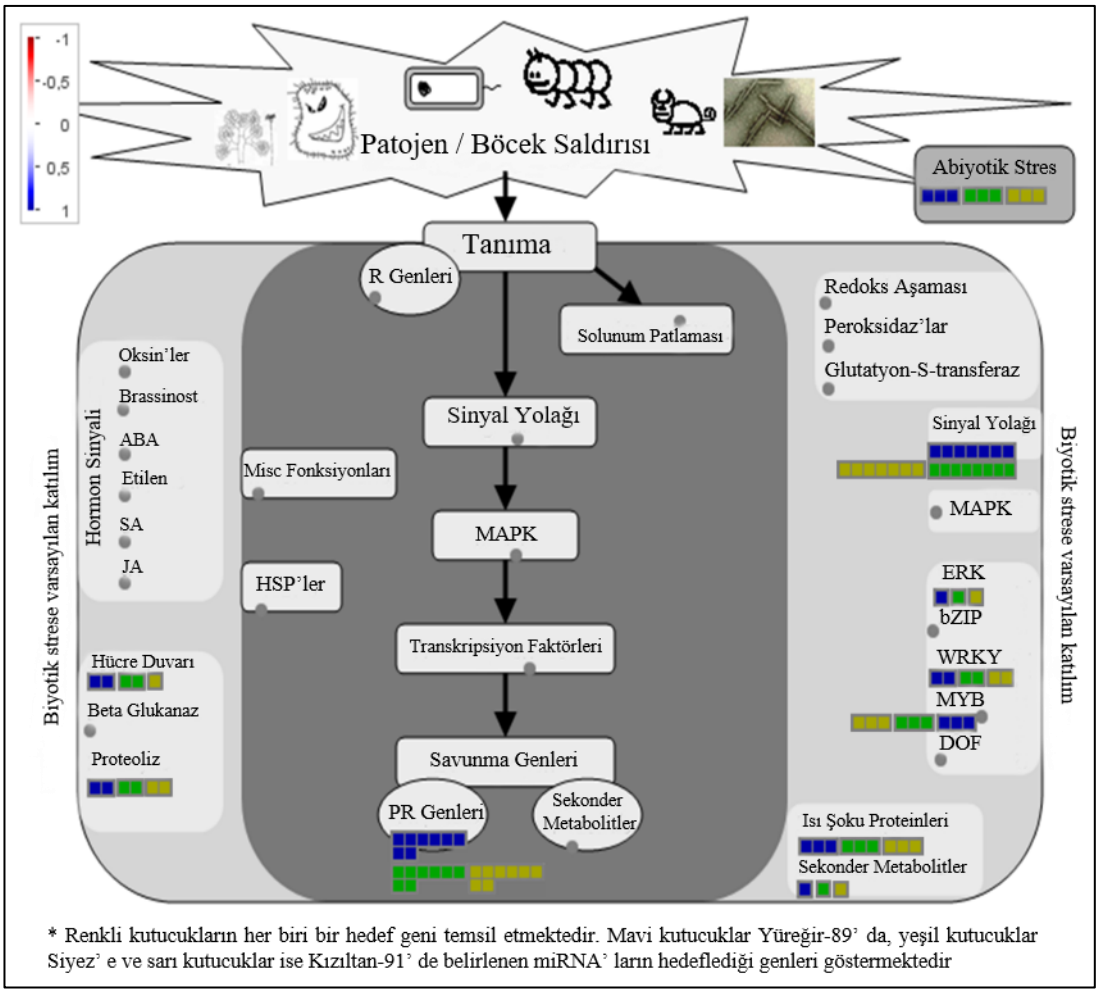
Şekil 4.44 Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait yaprak dokularında degradom analizine göre kontrolde ifadesi olmayan ancak kuraklık stresi sonucunda ifadesi seviyesi artan hedef genlerin ısı haritası.



1	Fotosentez	7	Oksidatif Fosforilasyon	13	Amino Asit Metabolizması	19	Tetrapirol sentezi	25	C-1 Metabolizması	31	Hücre
2	Major CHO Metabolizması	8	Trikarboksilik Asit Döngüsü	14	S-asimilasyonu	20	Stres	26	MISC	32	MikroRNA
3	Minor CHO Metabolizması	9	Mitokondriyal Elektron Taşıma	15	Metal Taşınımı	21	Redoks	27	RNA	33	Gelişim
4	Glikoliz	10	Hücre Duvarı	16	İkincil Metabolizma	22	Poliamin Metabolizması	28	DNA	34	Taşıma
5	Fermentasyon	11	Lipid Metabolizması	17	Hormon Metabolizması	23	Nükleotid Metabolizması	29	Protein	35	Belirsiz
6	Glukoneogenez	12	N-Metabolizması	18	Ko-faktör ve Vitamin Metabolizması	24	Ksenobiyotiklerin Biyodegredasyonu	30	Sinyalleme		

*Renkli kutucukların her biri bir hedef geni temsil etmektedir. Mavi kutucuklar Yüreğir-89' da, yeşil kutucuklar Siyez' e ve sarı kutucuklar ise Kızıltan-91' de belirlenen miRNA' ların hedeflediği genleri göstermektedir

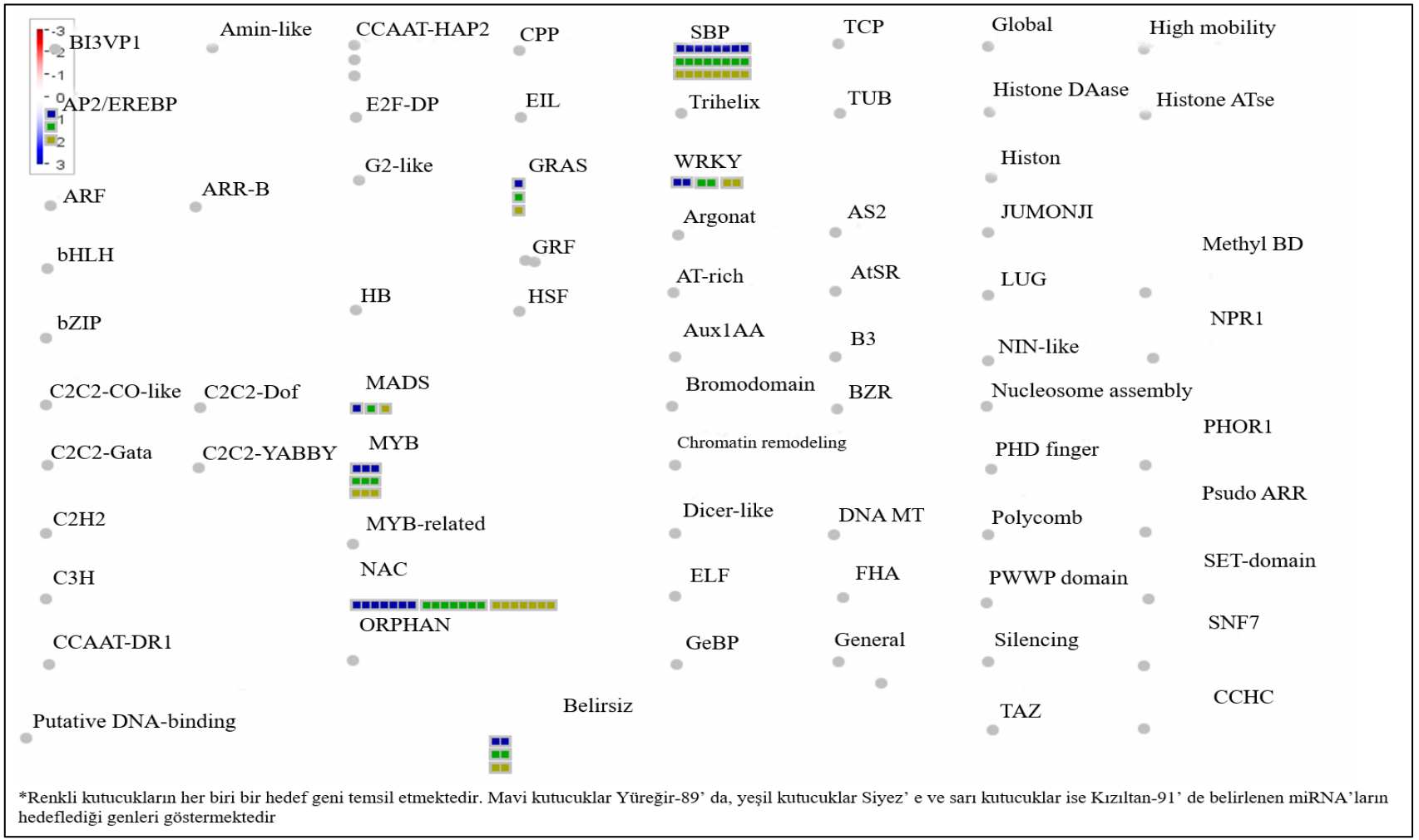
Şekil 4.45 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' de yaprak ve kök dokularında tespit edilen miRNA' ların hedef genlerinin MapMan' de bulunan tüm yolaklardaki genel görünümü.



Şekil 4.46 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' de yaprak ve kök dokularında tespit edilen miRNA' ların hedef genlerinin MapMan' de bulunan biyotik stres yolağındaki görünümü.

4.4.3 Yeni (Novel) miRNA'ların Tanımlama Analizleri

Genomda bulunan potansiyel yeni miRNA'ları belirlemek için haritalama sonrası bir bölgeye karşılık gelmeyen geri planda kalan soluble RNA (sRNA) dizileri genom dizisine BLASTn yapılmış ve literatürde geçen olması gereken kriterler (Allen vd., 2004) değerlendirilerek katlanmış ikincil yapısı belirlenmiştir. Bu sayede miRNA'ların kendine özgü kriterleri ile yeni (novel) miRNA olduğu tahmin edilmiş ve potansiyel miRNA adayı olarak saptanmıştır. Tablo 4.5'te bulunma sıklığı dikkate alınarak yeni miRNA'lar listelenmiştir. miRNA'ların genomda yer aldığı lokasyon, maksimum serbest enerji değeri (mfe) ve bulunma sıklığı tespit edilmiştir. Ayrıca bulunan miRNA'ların ikincil yapıları mfe'ye göre hazırlanmış ve Şekil 4.44'te verilmiştir.

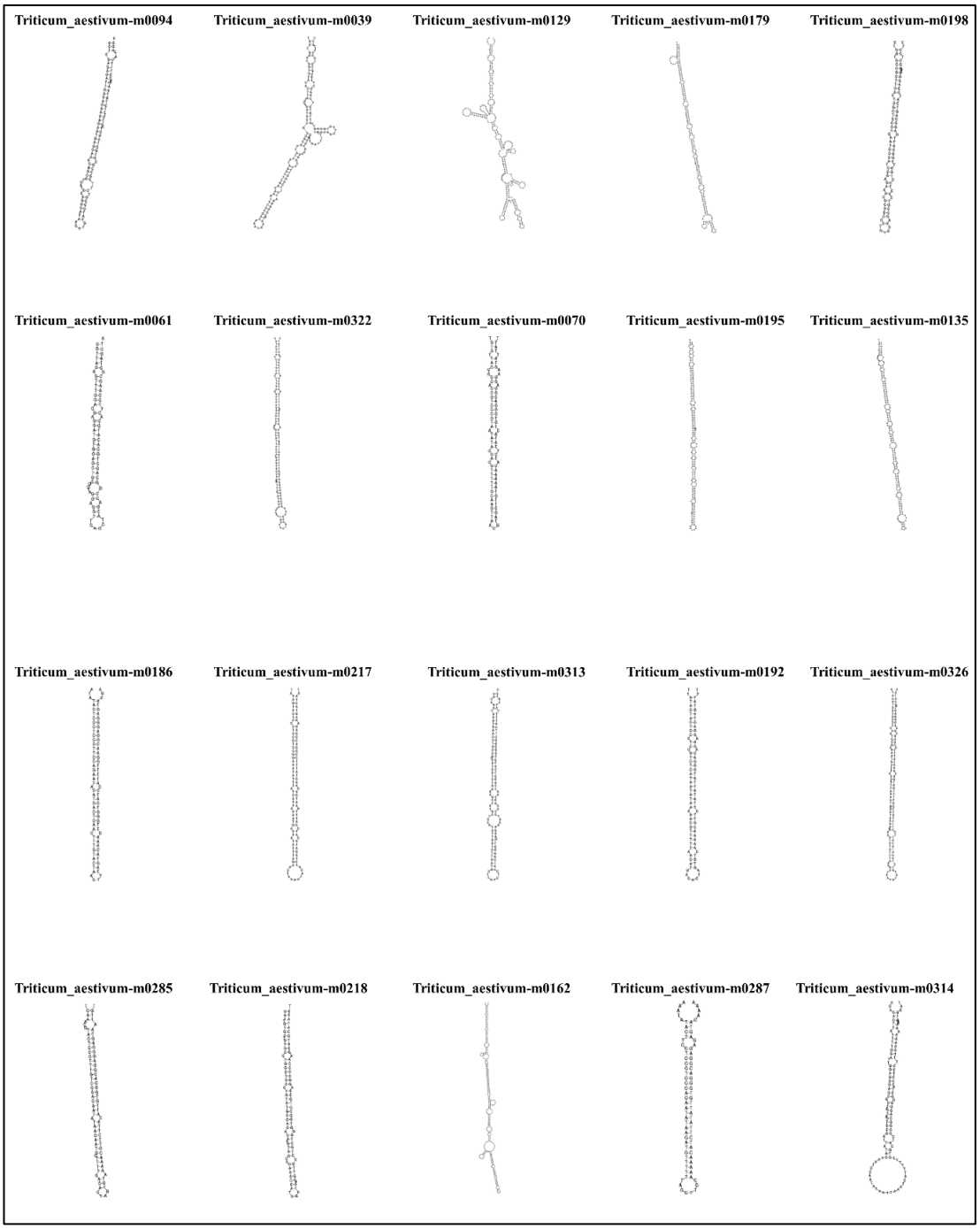


*Renkli kutucukların her biri bir hedef geni temsil etmektedir. Mavi kutucuklar Yüreğir-89' da, yeşil kutucuklar Siyez' e ve sarı kutucuklar ise Kızıltan-91' de belirlenen miRNA'ların hedeflediği genleri göstermektedir

Şekil 4.47 Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' de yaprak ve kök dokularında tespit edilen miRNA' ların hedef genlerinin MapMan' de bulunan transkripsiyon faktörlerin görünümü.

Tablo 4.5 Yeni (novel) miRNA' ların genomda bulunduğu lokasyon, mfe (maksimum serbest enerji) değeri ve bulunma sıklığı

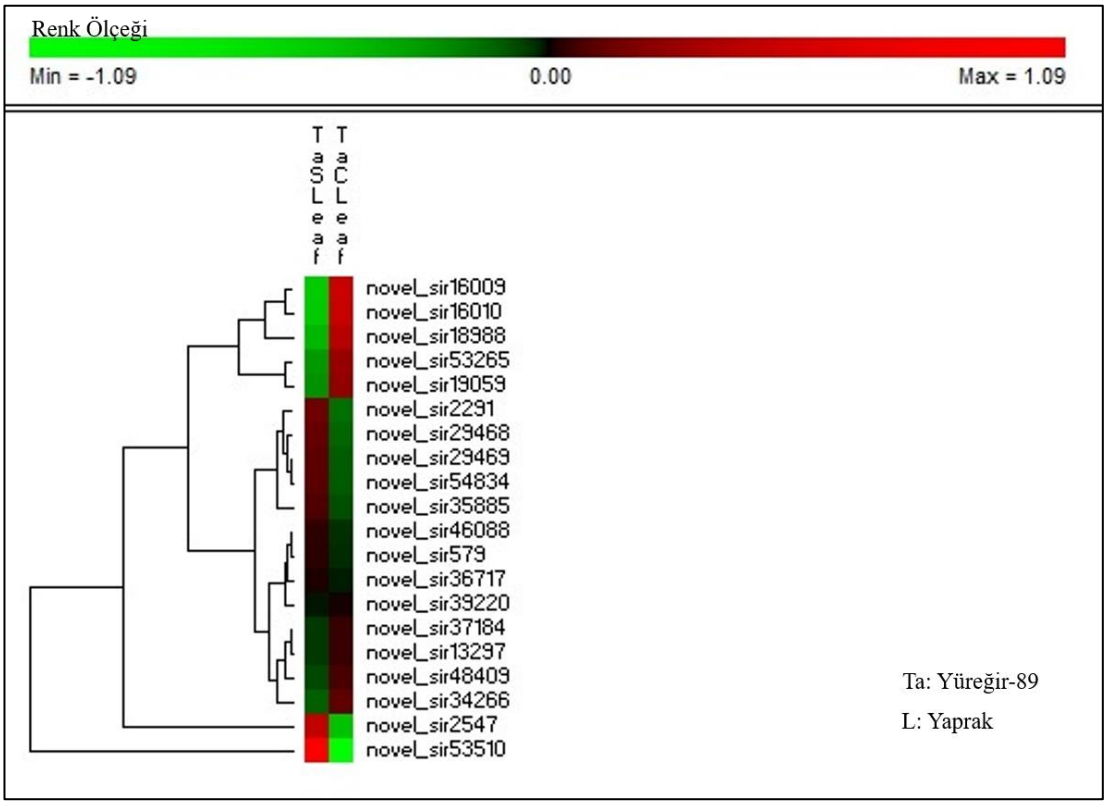
Id	Location	Maximum Free Energy	Count
Triticum_aestivum-m0094	scaffold174714:21833:21943:-	-60.5	4614
Triticum_aestivum-m0039	scaffold117787:15737:15895:+	-39.4	4005
Triticum_aestivum-m0129	scaffold24740:28445:28770:+	-74.3	2470
Triticum_aestivum-m0179	scaffold35790:58054:58283:-	-108.1	2449
Triticum_aestivum-m0198	scaffold41725:26899:27004:+	-62.1	2253
Triticum_aestivum-m0061	scaffold13621:86260:86345:+	-51.3	1655
Triticum_aestivum-m0322	scaffold82190:27881:28034:-	-60.6	1261
Triticum_aestivum-m0070	scaffold145762:14177:14271:+	-38.7	1238
Triticum_aestivum-m0195	scaffold40305:137896:138092:+	-99.2	566
Triticum_aestivum-m0135	scaffold25946:6700:6903:+	-89.9	422
Triticum_aestivum-m0186	scaffold38344:24325:24416:+	-61.6	420
Triticum_aestivum-m0217	scaffold45816:118314:118430:+	-57.1	400
Triticum_aestivum-m0313	scaffold8029:13219:13345:-	-60.6	386
Triticum_aestivum-m0192	scaffold39942:33886:33982:+	-46.5	379
Triticum_aestivum-m0326	scaffold8253:58055:58191:+	-65.7	365
Triticum_aestivum-m0285	scaffold65338:17034:17124:+	-48.5	334
Triticum_aestivum-m0218	scaffold46052:17541:17640:-	-54.1	330
Triticum_aestivum-m0162	scaffold31301:80387:80730:-	-106.3	328
Triticum_aestivum-m0287	scaffold65642:17799:17882:+	-49.3	313
Triticum_aestivum-m0314	scaffold8083:12431:12550:-	-29.63	265



Şekil 4.48 Yeni (novel) miRNA' ların mfe' ye göre çizilmiş ikincil yapıları

Bunlara ek olarak bulunma sıklığı Tablo 4.5'te bulunan veriler ile karşılaştırıldığında daha düşük olan ancak miRNA dizileme sonrası tespit edilen diğer novel miRNA'lar EK TABLO 4'te sunulmuştur. Bu tablo genom üzerinde bulunduğu lokasyon, mfe değeri, bulunma sıklığı ve yeni miRNA dizilerini içermektedir. Ek olarak benzer şekilde yeni miRNA'ların ikincil yapıları mfe'ye göre hazırlanmış ve EK ŞEKİL 4'te verilmiştir.

Yüreğir-89 yaprak örneğinde kontrol ve kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen yeni miRNA'ların ısı haritaları çizilmiş ve Şekil 4.45'te verilmiştir. Bu sonuçlara göre 10 adet miRNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde artış gözlenirken, 10 adet miRNA'da ise stres sonrası ifade düzeyinde düşüş gözlenmiştir. novel_sir16010, novel_sir16009, novel_sir18988, novel_sir53265 ve novel_sir19059 yeni miRNA'ları kontrole göre ifadesi en net ve yüksek oranda artanlar arasındadır. Örnek olarak, novel_sir16010 kontrol TPM değeri 26.8, kuraklık stresi sonrası ise TPM değeri 194.26 olarak ~7 katlık bir yükseliş gözlenmiştir. İfadesi en yüksek olan yeni miRNA'lardan bir diğeri de novel_sir16009 olup kontrol TPM değeri 102.78 iken stres sonrası TPM değeri 863.58'e ulaşmıştır. Yaklaşık 8 katlık bir artış oluşmuştur. novel_sir34266, novel_sir48490, novel_sir29469 yeni miRNA'ları kontrole göre ifadesi en net ve yüksek oranda düşenler arasındadır. En net düşüş ~7 kat ile novel_sir29469'da bulunmuştur.

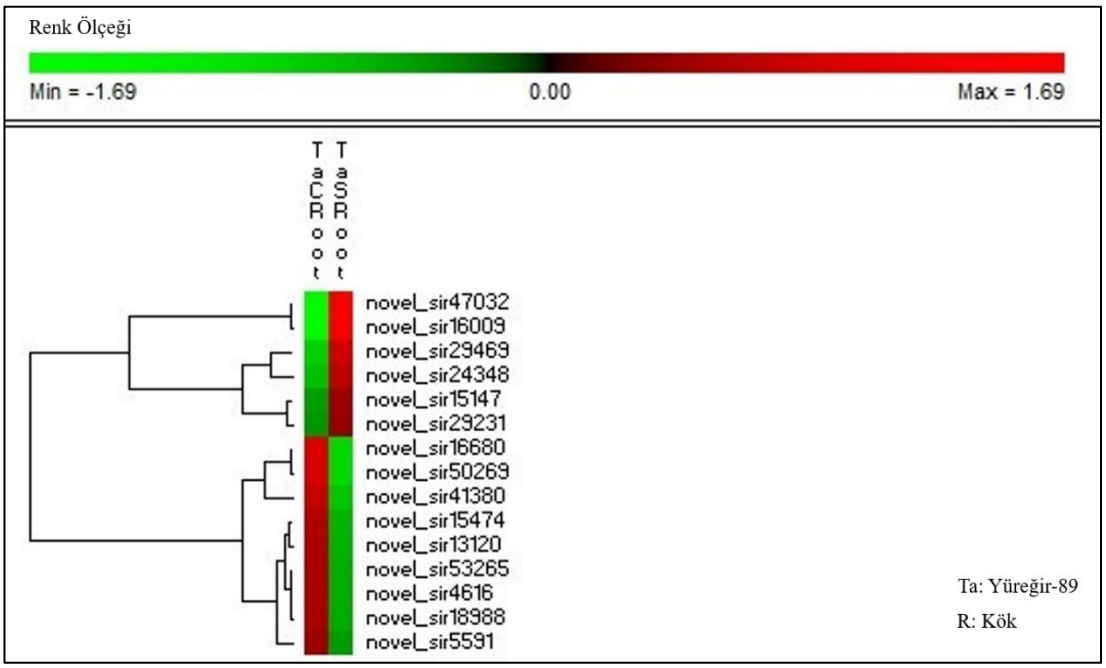


Şekil 4.49 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.

Yüreğir-89 kök örneğinde kontrol ve kuraklık sonrası ifade düzeyi değişen miRNA'ların ısı haritaları çizilmiş Şekil 4.46'da verilmiştir. Bu sonuçlara göre 6 yeni

miRNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde yükseliş gözlenirken, 9 adet miRNA'da ise kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde düşüş bulunmuştur.

novel_sir47032, novel_sir16009, novel_sir29469, novel_sir24348 ve novel_sir29231 yeni miRNA'ları kontrole göre ifadesi en net ve yüksek oranda artanlar arasındadır. novel_sir47032'nin kontrol TPM değeri 5.9 iken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 57.28 çıkmış olup yaklaşık 10 katlık artış tespit edilmiştir. Kuraklık stresi sonrası 408.94 ile en yüksek TPM değeri novel_sir24348 yeni miRNA'sında gözlenmiştir. Öne çıkan ilk sonuç ise novel_sir16009'un Yüreğir-89'da kök ve yaprak örneğinde kuraklık stresi ile ifade düzeyinin net bir artış gösterdiğidir. Buna benzer sonuç daha önce belirlenmiş miRNA'lardan olan tae-miR159b'de bulunmuştur. Tae-miR159b'de olduğu gibi tae-miR319'unda çeltik bitkisinde kuraklık stresi sonrası ifadesinin arttığı belirtilmiş olup (Zhou vd., 2010), tanımlanan yeni miRNA'larda da bulunan sonuçların tez çalışması sonuçları ile bağdaştığı tespit edilmiştir.

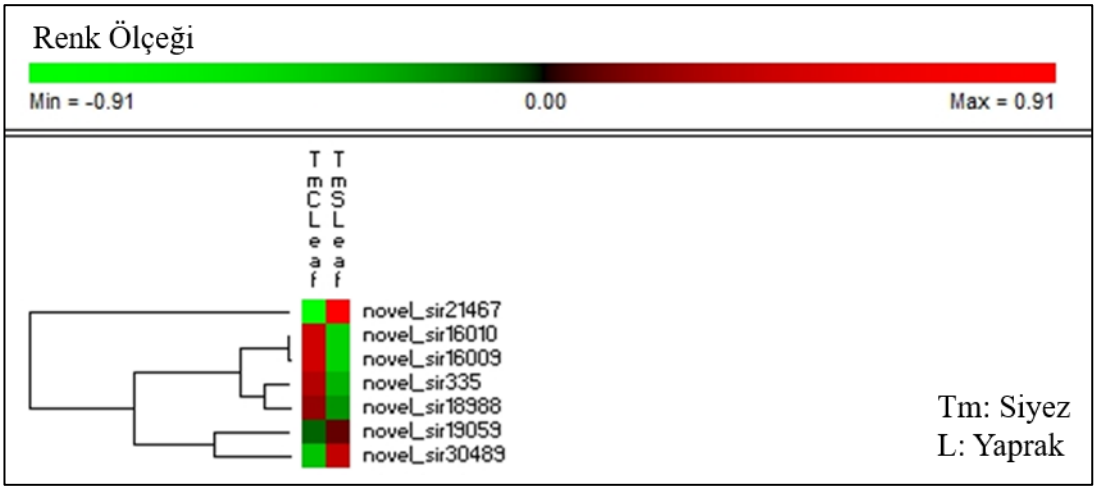


Şekil 4.50 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.

Yüreğir-89 kök örneğinde kontrole göre ifadesi en net ve yüksek düzeyde düşen yeni miRNA'lar şunlardır: novel_sir5591, novel_sir4616 novel_sir18988. Novel_sir5591 kontrol grubunda TPM değeri 71.27 bulunmuşken, stres sonrası TPM değeri 36.61 bulunmuş ve yaklaşık 2 katlık düşüş belirlenmiştir. Bunlar arasında novel_sir18988

öne çıkmaktadır. Bunun sebebi bu yeni miRNA'nın yaprak örneğinde kontrole göre ifade düzeyinde belirgin bir yükseliş saptanırken, kök örneğinde ifadesinin net şekilde azaldığı gözlenmiştir.

Siyez'e göre yaprak örneğinde kontrol ve kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen yeni miRNA'ların ısı haritaları çizilmiş olup Şekil 4.47'de gösterilmiştir. Buna bağlı olarak 3 adet yeni miRNA'nın kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinde artış bulunurken, 4 adet yeni miRNA'nın ise kuraklık stresi sonrası ifade düzeyinin düştüğü gözlenmiştir. Kontrole göre ifadesi en net ve yüksek oranda artanlar novel_sir21467, novel_sir19059 ve novel_sir30489 yeni miRNA'larıdır. Siyez için novel_sir21467 kontrol TPM değeri 179.75 , kuraklık stresi sonrası bu değer 271.78 olarak yaklaşık 2 katlık yükseliş bulunmuştur. Bunun yanı sıra, ifadesinde en yüksek artış bulunan novel_sir19059 Yüreğir-89'da da stres sonrası yaprak örneğinde ifade artışı göstermiştir. Buna benzer sonuç daha önce belirlenmiş miRNA'lardan tae-miR9672a-3p'de de bulunmuştur. Bu miRNA'da olduğu gibi novel_sir19059'da Yüreğir-89 ve Siyez'de stres sonrası yaprak örneğinde ifade artışı göstermiştir.



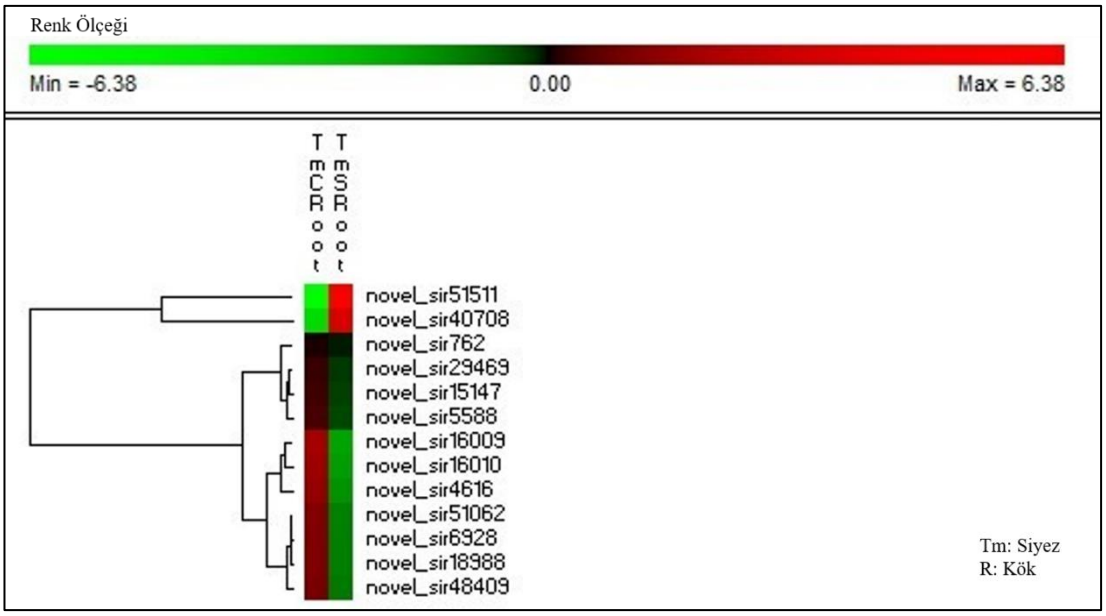
Şekil 4.51 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.

Siyez yaprak örneğinde kontrole göre ifadesi en net ve yüksek düzeyde azalan yeni miRNA'lara novel_sir30489, novel_sir19059, novel_sir18988, novel_sir16009, novel_sir16010 ve novel_sir335 örnek olarak verilebilir. novel_sir30489 kontrol grubunda TPM değeri 512.73 bulunmuş iken kuraklık stresi sonrası TPM değeri 366.25'e düşerek 1.5 katlık düşüş hesaplanmıştır. Benzer olarak en yüksek düzeyde

TPM değerine sahip novel_sir16009'un kontrol TPM değeri 1 112.38'den stres sonrası 259.38'e gerilemiştir. Burada dikkat çeken yeni miRNA novel_sir18988 olup Yüreğir-89'un kök örneğinde olduğu gibi Siyez'in yaprak örneğinde kontrole göre bu miRNA ifade düzeyinde net bir düşüş bulunmuştur. novel_sir19059, novel_sir16009, novel_sir16010 yeni miRNA'ları Yüreğir-89'un yaprak örneğinde kontrole göre ifade düzeyinin arttığı ancak Siyez yaprak örneğinde kontrole göre ifade seviyesinde düşüş gözlenmiştir.

Siyez kök örneğinde kontrol ve stres sonrası ifade düzeyi değişen yeni miRNA'ların ısı haritaları çizilmiş Şekil 4.48'de gösterilmiştir. Bu şekle göre, 6 adet yeni miRNA stres sonrası ifade düzeylerinde yükseliş gözlenirken 7 adet yeni miRNA'nın ise stres sonrası ifade düzeyinin düştüğü bulunmuştur. novel_sir762, novel_sir29469, novel_sir15147, novel_sir5588, novel_sir51511, novel_sir40708 yeni miRNA'ları kontrole göre ifadesi en keskin ve yüksek oranda artanlardır. Novel_sir762 için kontrol TPM değeri 33.41 iken stres sonrası bu değer 62.74 olarak yaklaşık 2 katlık yükseliş belirlenmiştir. novel_sir5588 en yüksek TPM değerine sahip olup kontrol TPM değeri 438.10 iken stres sonrası 555.57'ye çıkarak yaklaşık 1.5 katlık bir yükseliş göstermiştir. Novel_sir29469 ve novel_sir15147 miRNA'ları Yüreğir-89 ve Siyez kök örneğinde strese bağlı olarak ifade düzeylerinde belirgin yükseliş gösteren, göze çarpan miRNA'lardır.

Siyez kök örneğinde kontrole göre ifadesi en keskin ve yüksek düzeyde düşen yeni miRNA'lar: novel_sir48409, novel_sir6928, novel_sir18988, novel_sir51062, novel_sir16009, novel_sir16010'dır. novel_sir18988, novel_sir16009, novel_sir16010 yeni miRNA'ları yaprak örneğinde olduğu gibi kök örneğinde de ifade düzeyi en net azalanlardır. Novel_sir16009 kontrol durumunda TPM değeri 178.86, stres sonrası TPM değeri 31.29 olarak hesaplanmış yaklaşık 6 katlık düşüş gözlemlenmiştir. Yüreğir-89 ve Siyez'de novel_sir18988'in kök örneklerinde kuraklık stresine bağlı olarak ifade düzeylerinde belirgin bir azalış saptanmıştır. Buna benzer sonuç daha önce belirlenmiş miRNA'lardan tae-miR159a'da gözlemlenmiştir. Tae-miR159a'da olduğu gibi novel_sir18988'de de Yüreğir-89 ve Siyez çeşitlerinde stres sonrası kök örneklerinde ifadesinin düştüğü tespit edilmiştir.

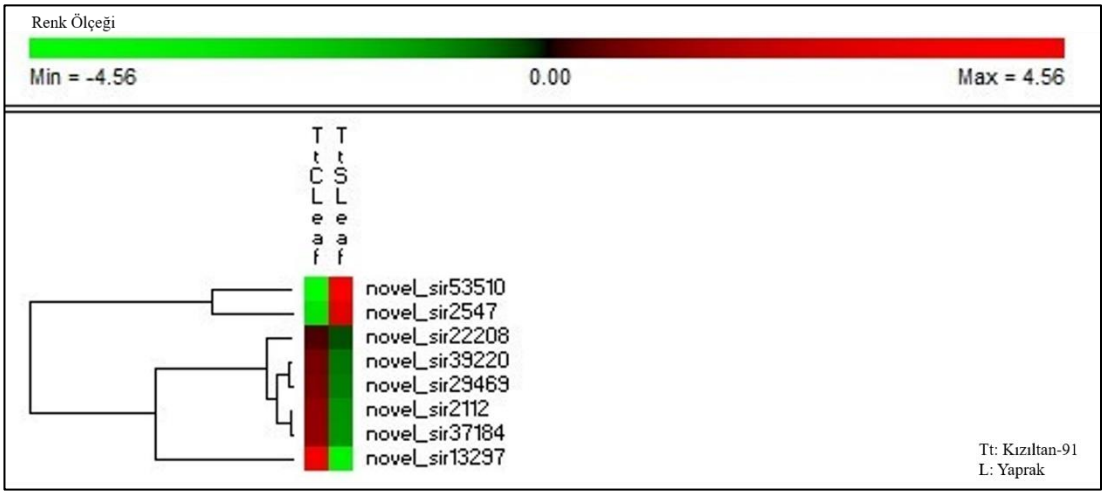


Şekil 4.52 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.

Kızıltan-91 çeşitinin kontrol ve kuraklık stresi uygulanan bireylerinden toplanan yaprak örneklerine göre ifade seviyesinde değişim gözlenen yeni miRNA'lar Şekil 4.49'da ısı haritası olarak sunulmuştur. Analiz sonucunda, kuraklık stresi uygulamasının 5 adet miRNA'nın ifade seviyesinde artış olurken, 3 adet miRNA'nın ise ifadesinin düştüğü gözlemlenmiştir. novel_sir53510, novel_sir2547, novel_sir22208 ve novel_sir39220 yeni miRNA'ları kontrole göre ifadesi en keskin ve yüksek oranda artanlar arasındadır. Örnek olarak, novel_sir39220 kontrol TPM değeri 17.88 bulunmuşken stres sonrası TPM değeri 5 kat artış göstererek 89.52'ye çıkmıştır. Novel_sir13297 kontrole göre ifadesi en net ve yüksek düzeyde düşen miRNA'lar arasındadır. Bu miRNA değerlendirilecek olursa kontrol grubunda TPM değeri 67.55 stres sonrası TPM değeri ise 5.97 bulunmuştur. Yaklaşık olarak 11 katlık düşüş hesaplanmıştır. Bu miRNA Yüreğir-89 ve Kızıltan-91 yaprak örneklerinde stres sonrası ifadesi düşen ortak yeni miRNA olarak saptanmıştır. Buna benzer olarak, 3 buğday çeşitinde de kuraklık stresi sonrası TPM değerinde ifadesi düşen, ortak, önceden belirlenmiş miRNA'lar vardır. Bu miRNA'lar tae-miR9674a-5p, tae-miR9664-3p ve tae-miR7757-5p' dir.

Kızıltan-91 kök örneğinde kontrol ve kuraklık stresi sonrası ifade düzeyi değişen yeni miRNA'ların ısı haritaları çizilmiş Şekil 4.50'de verilmiştir. Sonuç olarak, 23 adet yeni miRNA'da stres sonrası ifade düzeylerinde yükseliş gözlenirken, 37 adet yeni

miRNA'da stres sonrası ifade düzeyinde azalış saptanmıştır. novel_sir48680, novel_sir19326, novel_sir16009, novel_sir2112, novel_sir24348, novel_sir29469 ve novel_sir15147 miRNA'ları kontrole göre ifadesi en keskin ve yüksek oranda artan miRNA'lardır. Novel_sir48680 kontrol TPM değeri 1.59 stres sonrası TPM değeri 23.50 olmuştur. Yaklaşık 15 katlık bir yükseliş gözlenmiştir. Stres sonrası novel_sir19326 ve novel_sir16009 yeni miRNA'larında ifade artışı sırasıyla 5 ve 3 kat olarak bulunmuştur. Novel_sir15147 yeni miRNA'sının TPM oranı Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 kök örneği miRNA kütüphanelerinin tamamında artış gösteren ortak miRNA'dır. Buna benzer sonuç, öncesinde belirlenmiş miRNA'ların analizinde de gözlenmiştir. tae-miR159b, tae-miR319, tae-miR9662a-3p ve tae-miR9672a-3p gibi önceden tanımlanmış miRNA'lar Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 kök miRNA kütüphanelerinin tamamında stres sonrası ifadesi yükselen ortak miRNA'lardır. Bunun yanında Yüreğir-89 ve Kızıltan-91 kök örneğinde stres sonrası ifade düzeyi yükselen ortak yeni miRNA'lar novel_sir16009, novel_sir29469, novel_sir24348' dir. Bu yeni miRNA'ların ifade düzeyinin tüm buğday çeşitlerinde kök örneğinde artmasının nedeni çevresel streslere cevap olarak belirtilmiştir (Alptekin vd., 2017).



Şekil 4.53 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.

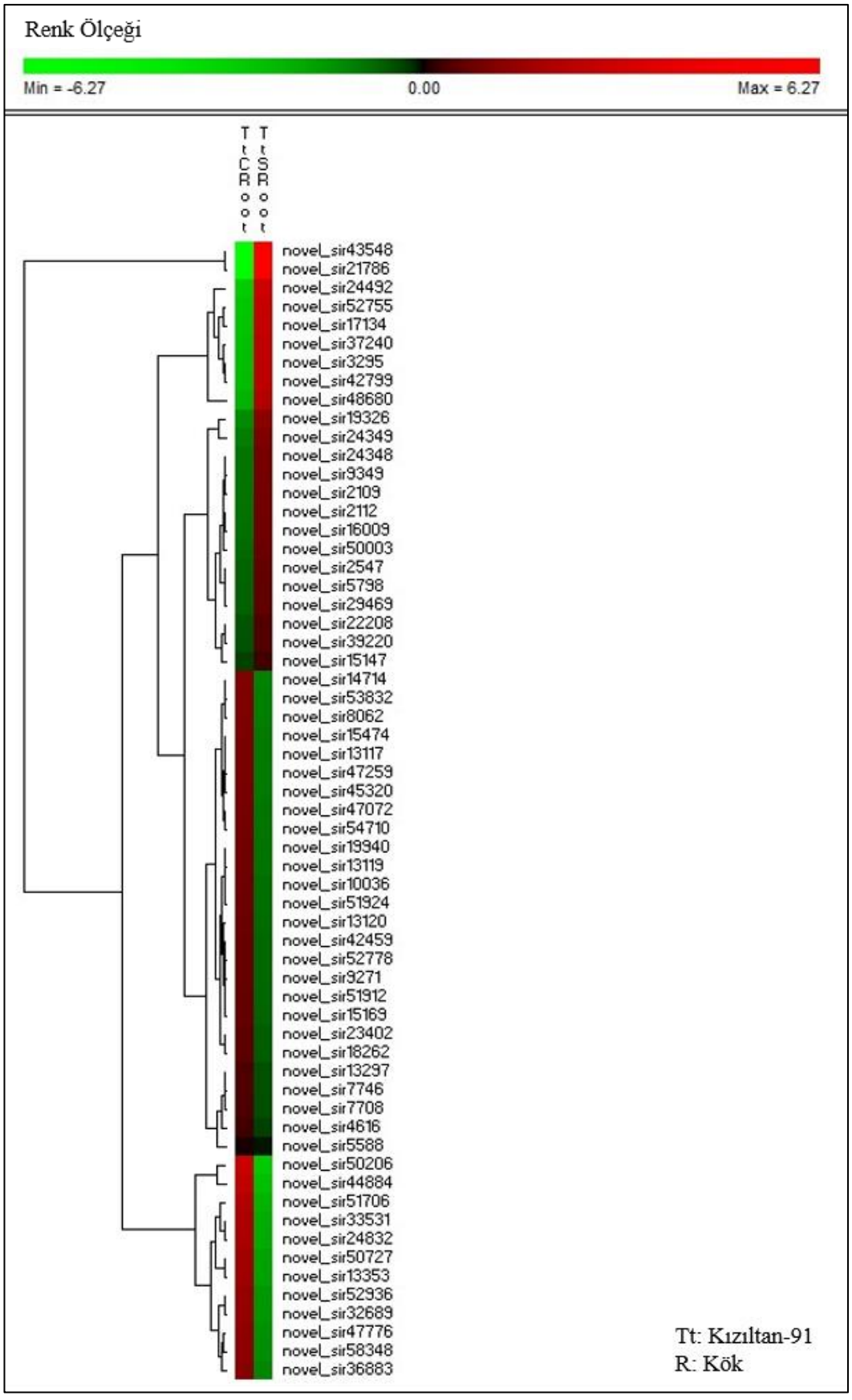
Kızıltan-91 kök örneğinde kontrole göre ifadesi en keskin ve yüksek düzeyde azalan yeni miRNA'lar: novel_sir5588, novel_sir4616, novel_sir7746, novel_sir7708, novel_sir52778, novel_sir15474, novel_sir13120, novel_sir13117 ve novel_sir52936'dir. Novel_sir5588 kontrol grubunda TPM değeri 1 040.80 iken stres sonrası bu değerin 805.57'ye düştüğü gözlemlenmiştir. Yeni miRNA

novel_sir4616'nın TPM değeri Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 kök miRNA kütüphanelerinin tamamında ortak olarak azalan miRNA'dır. Buna benzer sonuç daha önce tanımlanmış miRNA'ların analizinde de gözlenmiştir. tae-miR9662b-3p ve tae-miR7757-5p miRNA'ları, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 kök miRNA kütüphanelerinin tamamında stres sonrası ifadesi düşen ortak miRNA'lardır. novel_sir15474, novel_sir13120 yeni miRNA'ları Yüreğir-89 ve Kızıltan-91'de kök örneğinde stres sonrası ifade düzeyi düşen ortak miRNA'lardır.

Sonuç itibariyle, biyoinformatik analizler kapsamında başlangıç olarak Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 kök ve yaprak örneklerinde kontrol ve kuraklık stresi şartlarında miRNA'larında belirlenmesi ve ifade düzeylerindeki farklılıklar incelenmiştir. miRNA ifade düzeyindeki farklılıklar ısı haritası olarak isimlendirilen birçok genin ifadesindeki değişiklikleri aynı anda tek şekilde görülmesine imkân veren grafiklerde gösterilmiştir. miRNA'ların belirlenmesi başlığı kapsamında sırasıyla kontrol ve kuraklık stresine ait miRNA kütüphanelerinin kök ve yaprak örneklerinde ortak olan, türlere özgü ve türler arası miRNA'ların ifade düzeyleri detaylı olarak incelenmiştir. İkincil olarak, miRNA'ların hedef genlerinin analizleri başlığı altında miRNA'ların hedef genlerinin biyoinformatik araçlar ve degradom analizi ile belirlenmesi yapılmıştır. Bu başlık kapsamında ayrıca hedef genlerin ifade düzeylerindeki farklılıklar incelenerek GO anotasyon analizleri ve hedef genlerin yolak analizleri için MapMan yolak analiz programı kullanılmıştır. Son olarak, yeni miRNA'ların biyoinformatik araçlar ile belirlenmesi ve bu yeni miRNA'ların ifade düzeylerinin 3 buğday çeşitinde, kök ve yaprak örneklerinde ayrı ayrı karşılaştırılması yapılmıştır.

4.5 miRNA' ların ve Hedef Genlerin Kantitatif Gerçek Zamanlı PZR (qRT-PZR) ile İfade Analizleri

TPM sonuçlarına göre 3 buğday türünde de farklı miRNA'lar ve hedef genleri doğrulama analizi için belirlenmiştir. Belirlenen miRNA'ların ve hedef genlerinin ifade düzeyleri kantitatif eş zamanlı PZR ile incelenmiştir. Kantitatif gerçek zamanlı PZR ile miRNA dizileme sonrası ortaya çıkan miRNome verisinin karşılaştırılması ve doğrulanması yapılmıştır. Çalışmanın tüm verileri dikkate alınmış, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 türleri arasındaki bütün veriler kullanılarak karşılaştırma yapılmıştır.



Şekil 4.54 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında yeni (novel) miRNA' ların ifade seviyeleri.

4.5.1 Aday İnternal Kontrol Geninin Belirlenmesi

Literatür araştırması ile *18s rRNA*, *β-Aktin* ve *GAPDH* internal kontrol aday genleri belirlenerek qRT-PZR analizlerinde bu üç farklı genin değerlendirilmesi yapılmıştır. Başlangıçta, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresi şartlarında kök ve yaprak dokularından 8 farklı örnek alınarak qRT-PZR analizi gerçekleştirilmiştir. Elde edilen sonuçlar, NormFinder (Andersen vd., 2004) (Tablo 4.6 ve Tablo 4.7) ve BestKeeper (Pfaffl vd., 2004) (Tablo 4.8) algoritmaları ile incelenmiştir. Her iki algoritma ile yapılan incelemeler sonucu 3 çeşitte de, tüm şartlarda ve tüm dokularda en kararlı gen *GAPDH* olarak saptanmıştır. Buna bağlı olarak, GAPDH internal kontrol geni seçilmiştir.

Tablo 4.6 NormFinder ve BestKeeper algoritmalarında kullanılan 18srRNA, β-Actin ve *GAPDH* internal kontrol aday genlere ait qRT-PZR analiz sonuçları

	Örnek 1	Örnek 2	Örnek 3	Örnek 4	Örnek 5	Örnek 6	Örnek 7	Örnek 8
18s rRNA	32,78	33,00	33,90	33,98	35,24	39,21	30,58	31,80
β-Actin	22,99	23,22	23,06	20,63	20,18	19,78	22,06	22,16
GAPDH	20,27	20,42	20,23	20,91	21,02	21,33	20,60	20,29

Tablo 4.7 NormFinder algoritmasının analizi sonucu. Sabitlik değerine göre GAPDH geni internal kontrol gen olarak seçilmiştir

Gen Adı	Kararlılık Değeri	En Uygun Gen	GAPDH
18s rRNA	0,081		
β-Actin	0,099		
GAPDH	**0,031**		**X**

Tablo 4.8 BestKeeper algoritmasının analizi sonucu. Standard deviasyona göre GAPDH geni internal kontrol gen olarak seçilmiştir

	18s rRNA	β-Actin	GAPDH
n	8	8	8
Geometrik Ortalama [CP]	33,72720972	21,72127449	20,63022809
Aritmetik Ortalama [CP]	33,81125	21,76	20,63375
En düşük [CP]	30,58	19,78	20,23
En yüksek [CP]	39,21	23,22	21,33
Standart sapma [± CP]	1,77125	1,1725	**0,3396875**
CV [% CP]	5,238640985	5,388327206	1,646271279

4.5.2 Kantitatif Real Time PZR ile miRNA' ların ve Hedef Genlerin İfade Analizleri

Burada incelenen ilk miRNA tae-miR159a ve hedef genleri olmuştur. tae-miR159a'ya özgü primerler ile qRT-PZR yapılmıştır. Bu miRNA'nın ifade düzeyleri 3 türe ait kök ve yaprak örneklerinden elde edilen miRNome sonuçları ile karşılaştırılmıştır. Son olarak, tae-miR159a'nın hedef genlerinin degradom analizi ve biyoinformatik yöntemlerle elde edilen sonuçları, qRT-PZR ile doğrulanmıştır.

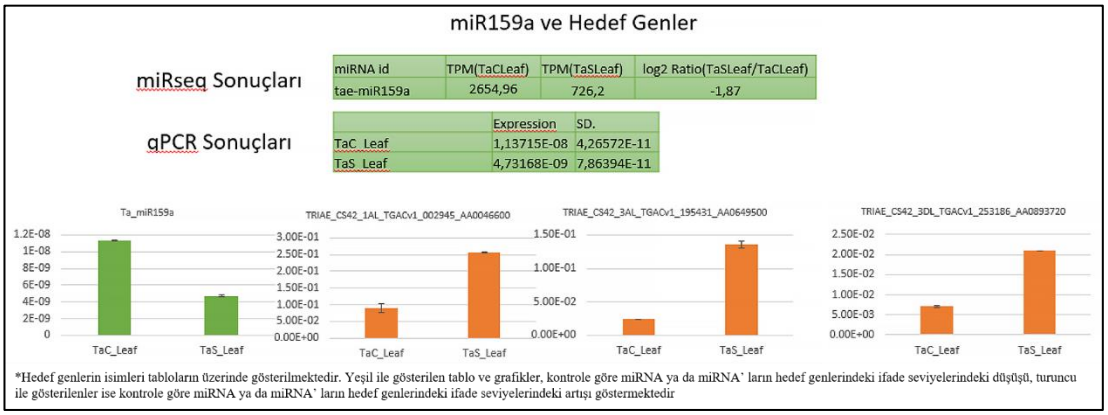
4.5.2.1 tae-miR159a

Tae-miR159a, Yüreğir-89 yaprak örneklerinden elde edilen miRNome sonucuna göre kontrolde ifadesi en keskin ve yüksek düzeyde azalan miRNA'lardan birisidir. Bu miRNA'nın kontrolde TPM değeri 2 654.96 iken, kuraklık stresi sonrası TPM değeri 726.2 olarak bulunmuş ve 3.7 kat düşüş hesaplanmıştır. qRT-PZR sonuçlarına göre ise tae-miR159a'nın ifadesi seviyesinin, kuraklık stresi sonrasında kontrol grubuna göre yaklaşık olarak 2.5 kat azaldığı ve biyoinformatik analizlerle elde edilen bulgularla örtüştüğü tespit edilmiştir (Şekil 4.51). Ayrıca, tae-miR159a miRNA'sı tarafından hedeflendiği belirlenen 3 gen seçilmiş ve qRT-PZR analizleri gerçekleştirilmiştir. Seçilen hedef genlerin anotasyonları incelendiğinde, bu genlerden ikisinin gibberellin ve abscisic acid-regulated MYB (GAMYB) transkripsiyon faktör ailesine dahil iken diğeri için tam anotasyon belirlenmediği görülmüştür. Belirlenen her 3 genin qRT-PZR sonuçları incelendiğinde ise hepsinin de kuraklık stresi sonrası kontrole göre ifade seviyelerinin yükseldiği görülmüştür (Şekil 4.51). miRNA'lar hedef genlerin ifadesini baskıladıklarından, kuraklık sonucunda ifade seviyesi düşen tae-miR159a'nın hedef genler üzerinde baskısı azalmış ve bu genler daha fazla ifade edilmeye başlanmıştır.

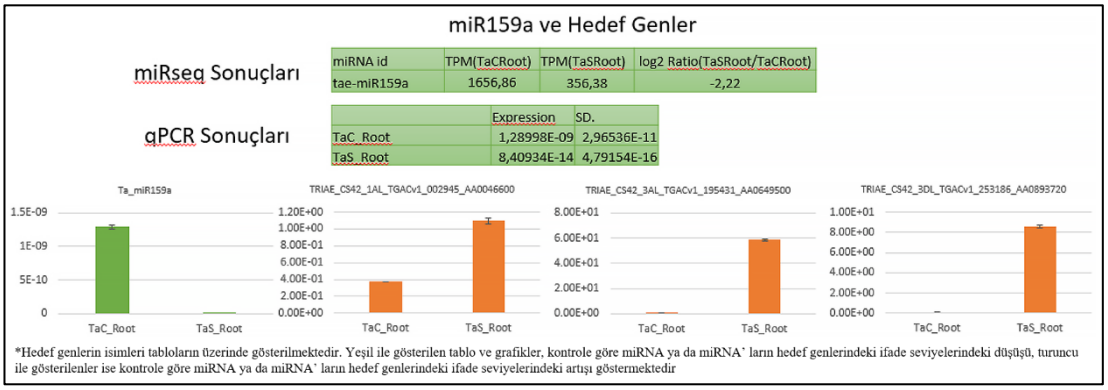
Yüreğir-89'a ait kök örneklerinin miRNom sonuçları, kontrole göre ifade seviyesi bariz olarak düşen miRNA'lardan birinin tae-miR159a olduğunu göstermektedir. Bu miRNA'nın kontrol grubunda 1 656.86 olan TPM'i, kuraklık stresi sonrasında 356.38'e düşmüş ve ifadesi yaklaşık 4.7 kat gerilemiştir. Aynı miRNA'nın qRT-PZR doğrulaması ise stres verilen grupta kontrole göre ifade seviyesinde yaklaşık 6.5 kat

düşüş olduğunu göstermektedir (Şekil 4.52). Belirlenen hedef genlerin ifadeleri, Yüreğir-89'un, yaprak dokusu sonuçlarına benzer şekilde tae-miR159a'nın ifade seviyesinin kuraklık ile azalmasına bağlı olarak kök dokusunda da artmıştır. Bu durum, Yüreğir-89'un kök ve yaprak dokularında kuraklığa karşı transkriptom seviyesinde bir yanıt olarak değerlendirilebilir.

Karşılaştırmalı miRNom ve qRT-PZR sonuçlarını bir arada sunan tüm şekillerde, kuraklık stresi uygulaması sonucunda kontrole göre miRNA veya miRNA hedef genlerinin ifade seviyelerindeki düşüş yeşil, yükseliş ise turuncu renkle gösterilmiştir.



Şekil 4.55 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.



Şekil 4.56 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.

Tae-miR159a, kuraklık stresi uygulanması sonucunda Siyez yaprak dokusunda kontrole göre ifade seviyesi bariz biçimde düşüş gösteren miRNA'lar arasındadır. Siyez'den alınan yaprak örneklerinin miRNom ve qRT-PZR analiz sonuçları incelendiğinde, bu miRNA'nın ifade seviyelerinin sırasıyla 1.2 ve 0.5 kat düştüğü

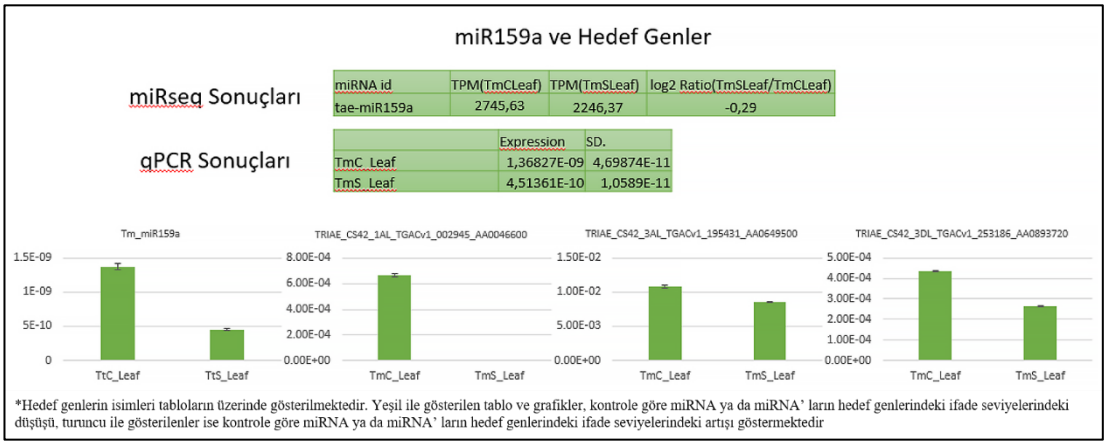
gözlemlenmiştir (Şekil 4.53). tae-miR159a hedef genlerinin analizinde Yüreğir-89 örnekleri için kullanılan primerler, aynı şekilde Siyez'de de kullanılmasına karşın, 3 geninde ifade seviyelerinin artması beklenirken tam tersine azalmıştır. Bu hedef genlerin ifadesinin, tae-miR159a'dan farklı bir miRNA tarafından kontrol edilebiliyor olması bu durumun sebebi olabilir. miRNA dizileme ve qRT-PZR analizlerinde kullanılan RNA örneklerinin aynı olması, her iki analizden elde edilen tae-miR159a sonuçlarının birbiriyle örtüşmesi ve son olarak qRT-PZR deneylerinin en az 3 tekrarlı yapılması olası bir yanlış pozitif (false positive) sonuç çıkması ihtimalini ortadan kaldırmaktadır.

Siyez kök örnekleri kullanılarak gerçekleştirilen qRT-PZR analiz sonuçları ise kuraklık stresi ardından tae-miR159a'nın ifadesinde artış gözlemlenmiştir. Hedef genlerin ifadesi ise miRNA'da meydana gelen bu artış neticesinde baskılanarak düşmüştür (Şekil 4.54). Bu sonuçlara göre, analizi yapılan tüm hedef genlerin ifade seviyeleri hem yaprak hem de kök dokularında azalmıştır. Seçilen hedef genler MYB transkripsiyon faktör gen ailesinin mensubu olup, MYB gen ailesinin abiyotik stres ile ilişkili olduğu bilinmektedir. Bu bilgi ışığında, analizi yapılan hedef genlerin ifadelerindeki düşüş Siyez'in kuraklık tolerasının olmamasını açıklayan mekanizmalardan biri olarak düşünülebilir.

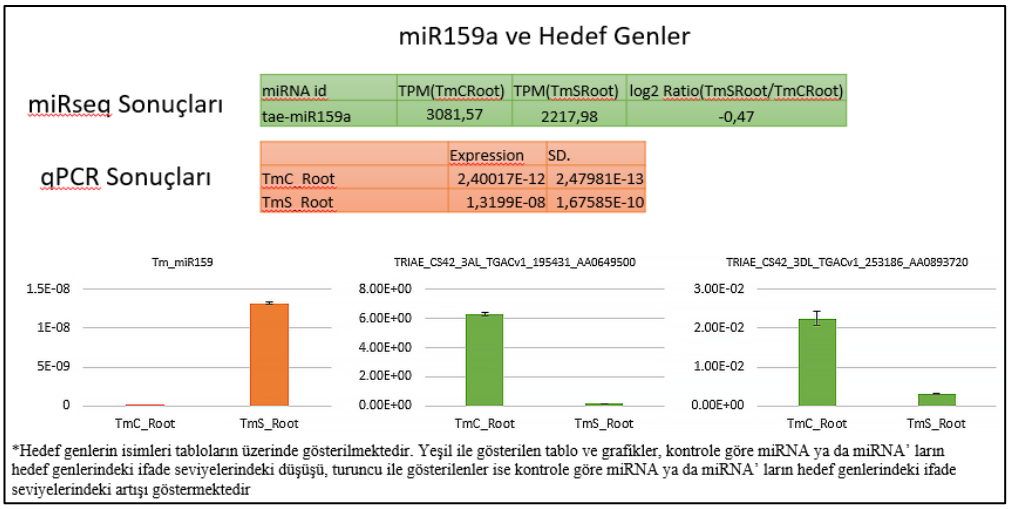
tae-miR159a, Kızıltan-91 yaprak dokusunda da qRT-PZR ile analiz edilmiş ve kuraklık stresi sonucunda ifade seviyesinde düşüş olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.55). miRNA'nın ifadesinde meydana gelen düşüşe bağlı olarak, hedef genlerin ifade seviyelerinde yükseliş olduğu görülmüştür (Şekil 4.55). Sonuçta tae-miR159a' nın ifadesinin Kızıltan-91' e ait yaprak dokusunda azalması, GAMYB transkripsiyon faktör hedef genlerinin ifadesi üzerindeki miRNA baskısının ortadan kalkmasını sağlamış ve ifade seviyesinde artışa sebep olmuştur. Böylece Kızıltan-91'in transkriptom seviyesinde kuraklığa karşı oluşturduğu cevaplardan birisi belirlenmiştir. Bu durum, Kızıltan-91' in kuraklığa dayanıklı bir çeşit olması ile ilişkili mekanizmalardan biri olarak değerlendirilebilir.

Kızıltan-91 kök dokusundan elde edilen örneklerin miRNom ve qRT-PZR analizleri neticesinde, tae-miR159a'nın ifade seviyesinde artış tespit edilmiştir (Şekil 4.56).

miRNA'daki bu artış, kuraklığa bağlı olarak hedef genlerden birinin ifade seviyesinde azalış olarak etki göstermiştir (Şekil 4.56).



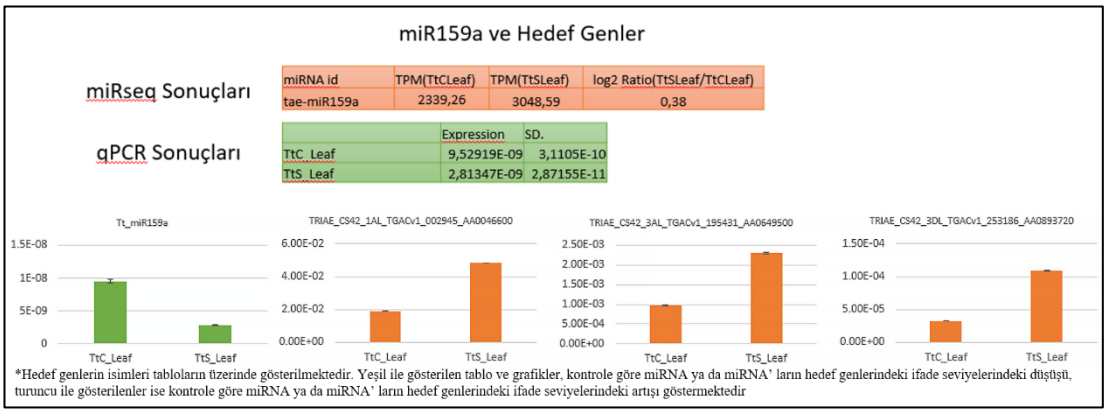
Şekil 4.57 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



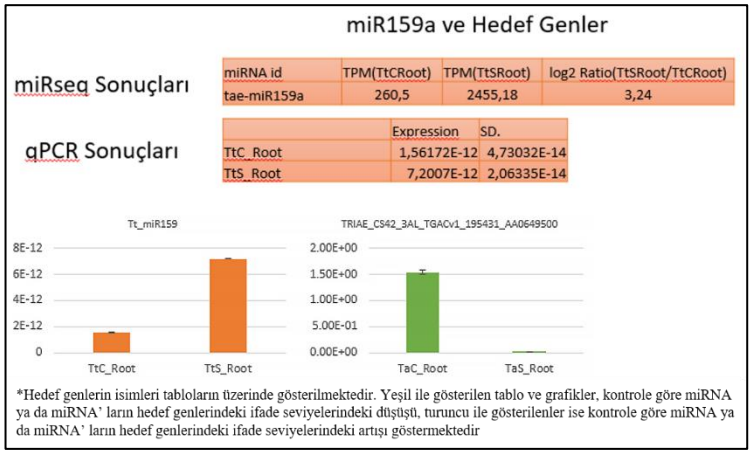
Şekil 4.58 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR159a' nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.

Arpa Şerit Mozaik Virüsü (BSMV) kullanılarak pri-tae-miR159a'nın buğday dokularına aktarılması ile ilgili bir çalışma 2013 yılında yayınlanmıştır. BSMV aracılığıyla pri-tae-miR159a'nın aktarılmasını müteakip vsiRNA (virus small interfering RNAs)'ların birikmesi sonucu, bitkiler *Pst* Çin sarı pas hastalığına (*Puccinia striiformis f. sp. tritici*) karşı dirençli fenotip göstermişlerdir. Hastalığa karşı geliştirilen dirençte, miR159'un hedef genlerinden biri olan *taMyb3*'ün regülasyonunun önemli rol oynadığı ortaya çıkarılmıştır (Feng vd., 2013). Çeltikte yapılan bir başka çalışmada ise, kuraklık stresi sonrasında miR159a'nın ifade

seviyesinin azaldığı tespit edilmiştir (Zhou vd., 2010). Tez çalışmasından elde edilen sonuçlar literatür ile uyuşmakta olup, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91' in yaprak örneklerinde kuraklık stresi sonucu tae-miR159a' nın ifade seviyesinde azalma görülmüştür. qRT-PZR analiz sonuçlarına göre, tae-miR159a'nın ifade seviyesinde düşüşe bağlı olarak hedef genlerinden gibberellin ve abscisic acid-regulated MYB (GAMYB) transkripsiyon faktör ailesine ait genlerin ifadesinde artış gözlenmiştir. GAMYB transkripsiyon faktör gen ailesi, ilk olarak tahıl alorininde giberellin asitle (GA) düzenlenen genlerin bir aktivatörü olarak tanımlanmıştır (Woodger vd., 2003). MYB proteinleri bitkilerde bilinen en büyük transkripsiyon gen ailesidir. Bitkilerde biyotik ve abiyotik streslere cevap, metabolizma ve gelişimden rol oynadıkları rapor edilmiştir (Dubos vd., 2010). *T. aestivum* türünde tuz stresine dayanıklı ve hassas bitkilerde mevcut 10 adet *Myb* geninin ifade analiz profili incelenmiştir.



Şekil 4.59 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.



Şekil 4.60 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR159a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.

Tuz ve kuraklık stresine karşı dayanıklılık sağlayan *TaMYBsdu1* geni çalışmada karakterize edilmiştir. Benzer çalışmada, Yüreğir-89 ve Kızıltan-91 çeşitlerinde *TaMYB33* geninin kısa süreli abiyotik stres cevabında görev aldığı gösterilmiştir (Baloglu vd., 2014). Tez çalışması sonunda elde edilen sonuçlar, bu sonuçlar ile uygunluk göstermekte olup kuraklık stresi cevabında Kızıltan-91 ve Yüreğir-89 çeşitleri için tae-miR159a'nın baskılanması ile beraber *Myb* genlerinin ifadesinin yükseldiği gözlenmiştir. Siyez türünde tae-miR159'anın baskılanması miRNom ve qRT-PZR ile doğrulanmasına rağmen MYB transkripsiyon faktör ailesine ait bu 3 hedef genin ifadesinde bir düşüş gözlenmiştir. Bu sonuç bu hedef genlerin farklı miRNA'lar tarafından da düzenlenebileceği olarak yorumlanabilir.

4.5.2.2 tae-miR156

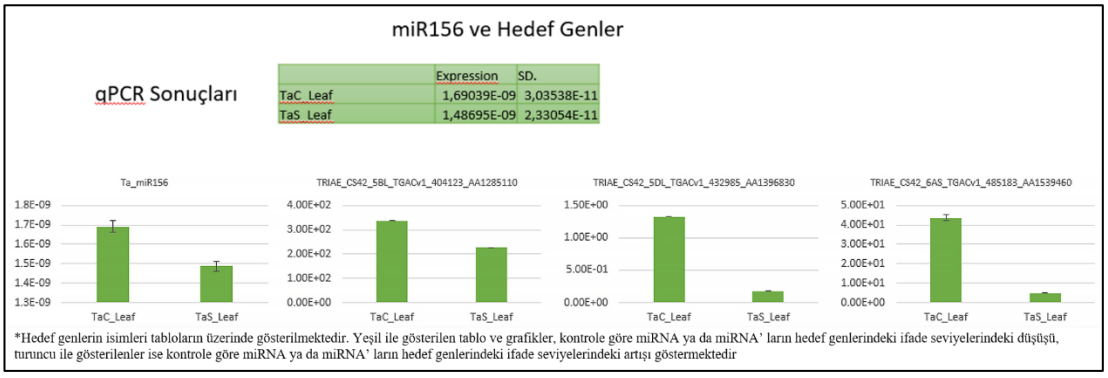
Bazı bitki türlerinde tae-miR156'nın özellikle gelişmede etkin rol oynadığı rapor edilmiştir (Arshad vd., 2017). Tez çalışması kapsamında; gelişim, kütle artışı ve abiyotik stres ile ilgili olan tae-miR156 detaylıca incelenmiştir. Yüreğir-89'dan alınan kontrol ve kuraklık stresi uygulanmış yaprak dokusu örneklerinde, tae-miR156 miRNom verisine rastlanmamıştır. Diğer yandan, qRT-PZR analizi sonuçları tae-miR156'nın kuraklık sonucunda ifade seviyesinde düşüş meydana geldiğini göstermiştir. Tae-miR156 tarafından hedeflenen genlerden, biyoinformatik ve degradom analizi sonuçlarına göre belirlenen 3 tanesinin de ifadesinin azaldığı gözlemlenmiştir (Şekil 4.57). tae-miR156 tarafından kontrol edilen en önemli transkripsiyon faktörleri Squamosa Promoter Binding Protein-Like (SPL) ailesine aittir (Cardon vd., 1999). Seçilen bu hedef genlerin tümü de SPL ailesine aittir. Başka bir çalışmada miR156'nın aşırı ifade olması transgenik yonca bitkisinde miR156'nın hedef genlerinden SPL13'ün yıkımına sebep olarak bitkinin kuraklık direncini arttırdığı bildirilmiştir (Arshad vd., 2017). Buna benzer olarak tez çalışmasında da seçilen SPL ailesine ait bütün hedef genlerin ifadesinin düşmesi Yüreğir-89'un kuraklık direncini arttırmada rol oynayan mekanizmalardan biri olarak söylenebilir.

miRNom analiz sonuçlarına göre, Yüreğir-89'dan alınan kontrol ve stres sonrası kök örneklerinde tae-miR156'nın ifade düzeyi yaklaşık 1.2 kat düşmüştür. qRT-PZR ile tae-miR156'nın ifade düzeyi de doğrulanmıştır. Buna ek olarak tae-miR156'nın

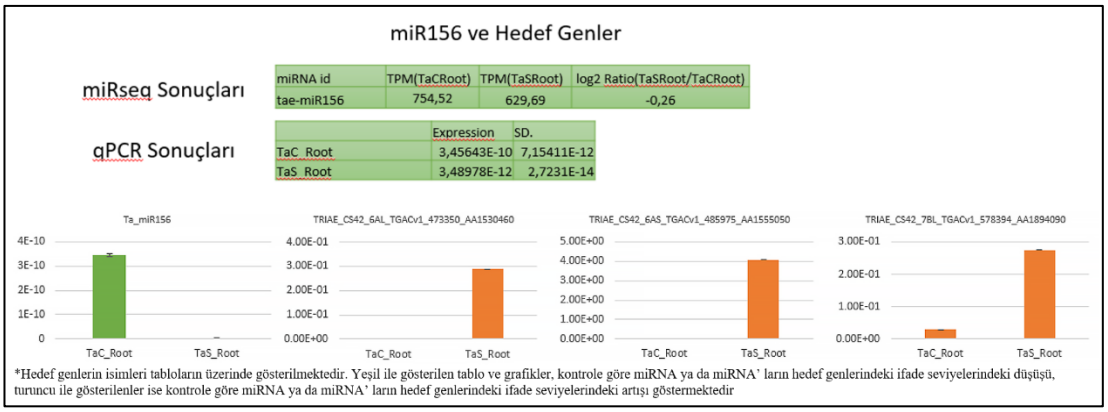
ifadesinin düşmesi sonucu seçilen hedef genlerin tamamının ifadelerinin yükseldiği gözlemlenmiştir (Şekil 4.58). Yaprak örneğinden farklı olarak kök örneklerinde SPL ailesine ait hedef genlerinin ifade yükselişi, Yüreğir-89 için kuraklığa karşı tolerans mekanizmalarından biri olabilir. Çünkü, diğer bir çalışmada SPL'lerin (SPL3, SPL9 ve en baskın SPL10) aşırı ifadesi lateral kök gelişimini engellediği bildirilmiştir (Yu vd., 2015). Bu sebeple bitki uzun süreli kuraklık stresi sonucunda lateral kök gelişimini azaltarak ya da durdurarak, ana kökün gelişimi ile uzama eğilimine gitmiştir. Bu durum kuraklığa karşı direncin arttırılmasına yönelik mekanizmalar arasında söylenebilir.

Siyez çeşitinde kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde, tae-miR156'nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile analizleri yapılmıştır. Kuraklık stresi sonrası, tae-miR156'nın ifade düzeyinin yükseldiği buna bağlı şekilde hedef genlerin ifade düzeylerinin azaldığı gözlenmiştir (Şekil 4.59). Yüreğir-89'daki gibi Siyez'de SPL ailesine ait bütün hedef genlerin ifadesinin düşmesi kuraklık direnç meknizması ile ilişkili düşünülebilir.

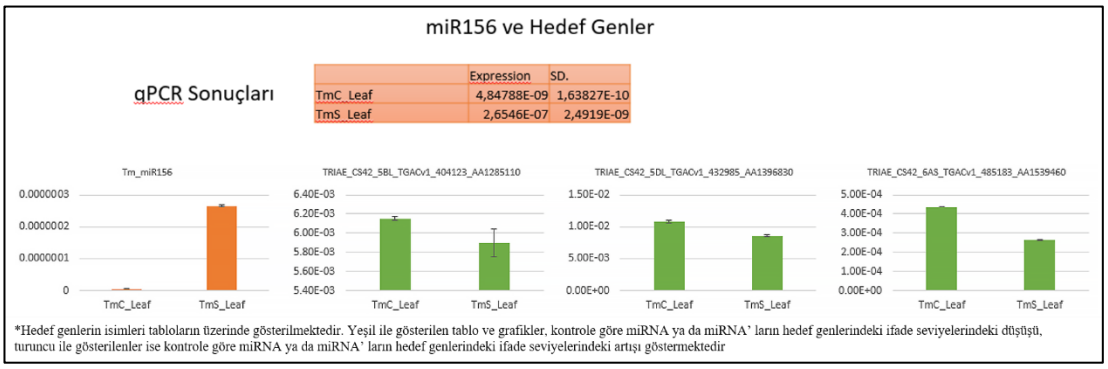
Siyez kontrol ve kuraklık stres sonrası kök örneği incelendiğinde, stres sonrası tae-miR156'nın ifadesinin yükseldiği gözlenmiştir (Şekil 4.60). Ancak SPL ailesine ait hedef genlerin ifadesi qRT-PZR analizleri ile belirlenememiştir. Bunun olması ihtimal nedenlerinden birisi, SPL ailesine ait hedef genlerin kök örneklerinde aşırı düşük ifade seviyelerine sahip olması olabilir.



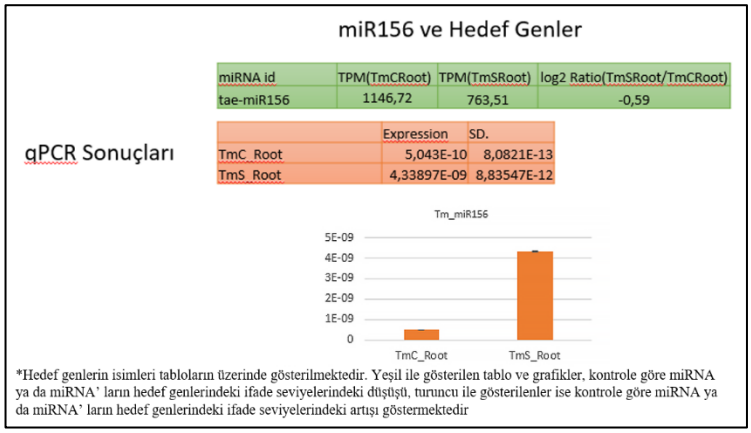
Şekil 4.61 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR156' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.



Şekil 4.62 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR156' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.63 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR156' nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

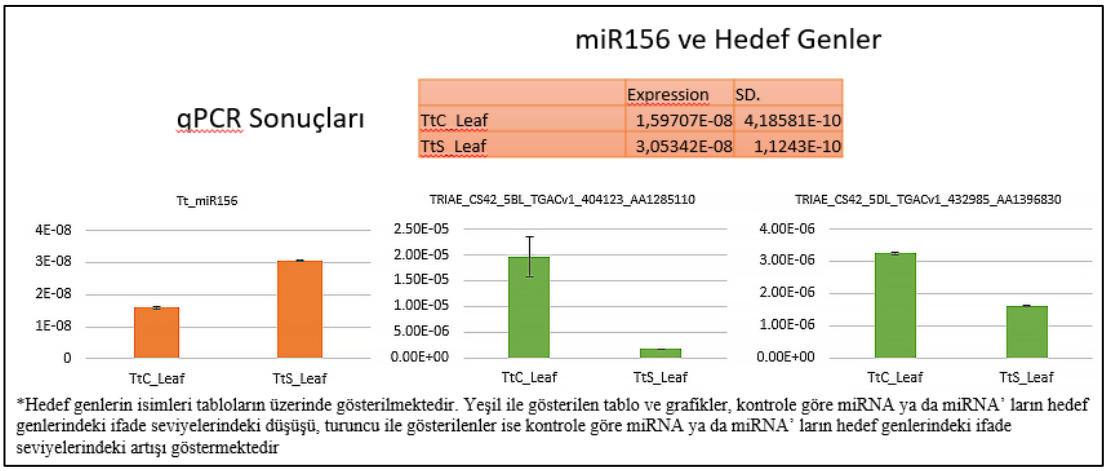


Şekil 4.64 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR156' nın qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

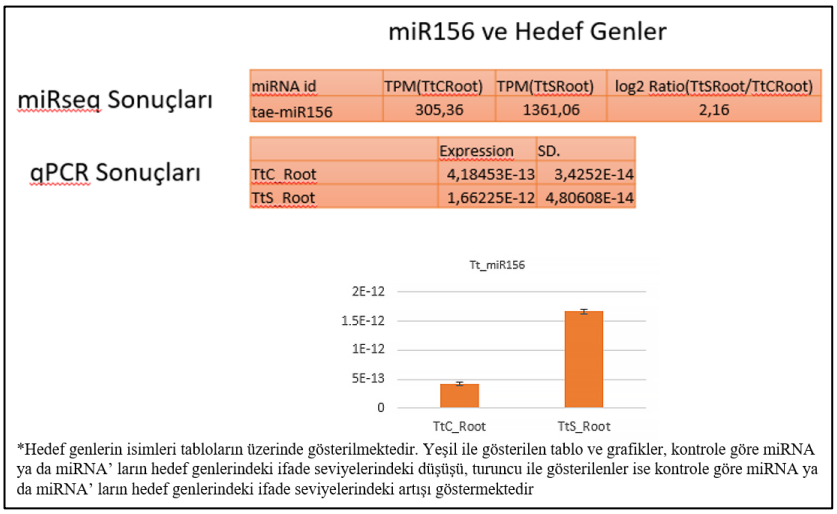
Kızıltan-91 kontrol ve kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde stres sonrası tae-miR156'nın ifadesinin arttığı ve buna bağlı olarak seçilen hedef genlerin ifadesinin baskılanılarak azaldığı gözlenmiştir (Şekil 4.61). Kızıltan-91 kök örneklerinde miRNom ve qRT-PZR analizlerine göre stres sonrası tae-miR156'nın ifadesinin

yaklaşık 4 katlık ükseliş gösterdiği hesaplanmıştır (Şekil 4.62). Ancak Siyez'deki gibi Kızıltan-91'in kök örneklerinde de tae-miR156'nın hiçbir hedef geni saptanamamıştır.

miR156'nın çeşitli bitkilerde çok farklı roller üstlendiği literatür taraması sonucunda görülmüştür. Örnek olarak miR156'nın aşırı ifadesi sonrası yonca bitkisinde gecikmiş çiçeklenme ve biyokütle artışı gözlenmiştir (Aung vd., 2015a, 2015b). Farklı bir araştırmada ise *Arabidopsis* bitkisine ait At-miR156'nın yüksek ifadesi transgenik *Brassica napus*'ta karotenoid ve dallanmayı arttırdığı bildirilmiştir (Wei vd., 2010). Buna ek olarak miR156 bitkilerde farklı abiyotik faktörlerin düzenlenmesinde de sorumludur. Örnek olarak, tuz, kuraklık, ABA, kadmiyum gibi abiyotik stresler sonrası miR156'nın buğday, çeltik, kavak, tütün, melez Paulownia mısırı, şeftali ve arpa bitkilerinde ifadesinin değiştiği farklı araştırmalar ile ortaya koyulmuştur (Budak, vd., 2015a, 2015b; Duan vd., 2016; Fan vd., 2016; Hackenberg vd., 2015; He vd., 2016; Zhang vd., 2016). Literatürde olduğu gibi tae-miR156'nın farklı ploidi düzeylerine sahip buğday çeşitlerinin yaprak ve kök örneklerinde kuraklık stresine verdiği cevaplar farklılık göstermistir. Özellikle tüm buğday çeşitlerinin yaprak örneklerinde stres sonrası tae-miR156'nın ifadesinin yükseldiği ve bununla ilişkili olarak SPL ailesine ait tüm hedef genlerin ifadesinin düştüğü gözlenmiştir. SPL genlerinin yıkımının bitkilerde kuraklık direncini arttırdığı, önceki çalışmalar ile gösterilmiştir (Arshad vd., 2017). Tez çalışmasında da benzer sonuçlar elde edilmiş, SPL genlerinin yıkımı Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'de kuraklık stresinde bir direnç mekanizması ortaya çıkardığı saptanmıştır. Ayrıca Kızıltan-91 ve Siyez kök örneklerinde tae-miR156'nın ifadesinin yükseldiği ancak hedef genlerin qRT-PZR ile saptanamadığı gözlenmiştir. Buna karşın Yüreğir-89'un kök örneğinde kuraklık stresi sonrası tae-miR156'nın ifadesinin düştüğü ve farklı SPL genlerinin ifadelerinin yükseldiği bulunmuştur. Başka bir çalışmada SPL'lerin (SPL3, SPL9, ve en baskın SPL10) aşırı ifadesi lateral kök gelişimini engellediği bildirilmiştir (Yu vd., 2015). Böylece bitki uzun süreli stres sonrası lateral kök gelişimini düşürerek ya da durdurarak ana kökün gelişimi ile uzama eğilimine yönelmiştir. Bu durum da Yüreğir-89 için kuraklığa karşı direncin yükseltilmesine yönelik mekanizmalardan biri olarak düşünülebilir.



Şekil 4.65 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR156' nın ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



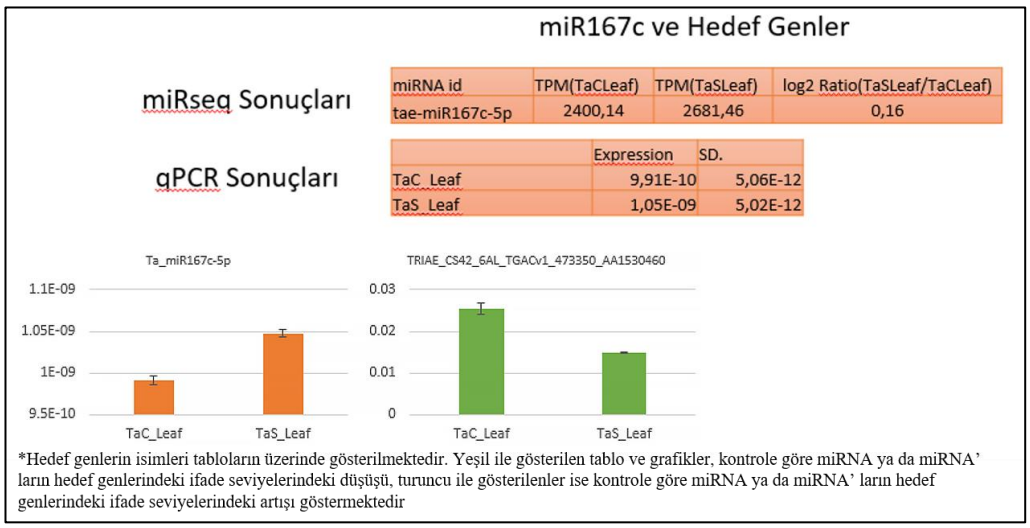
Şekil 4.66 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR156' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

4.5.2.3 Tae-miR167c

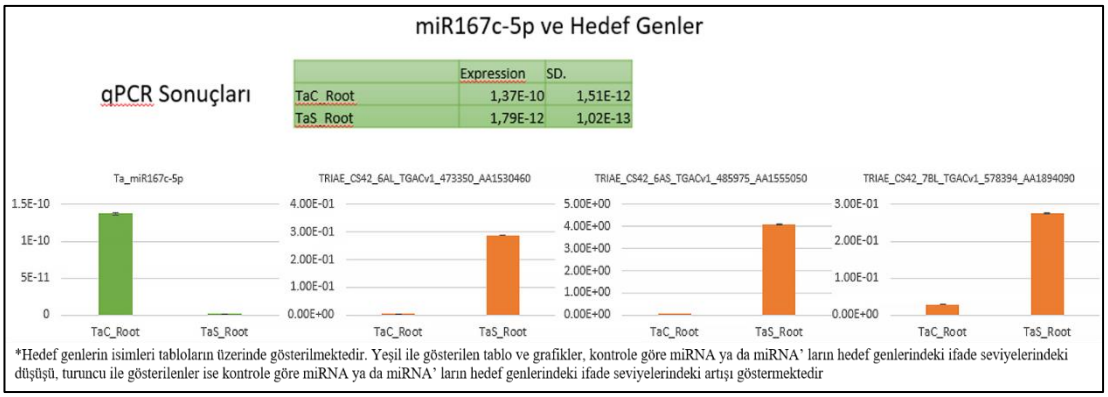
qRT-PZR kullanılarak doğrulaması yapılan diğer bir miRNA ise tae-miR167c'dir. Hem miRNom hem de qRT-PZR sonuçlarına göre, kuraklık stresi uygulanmış Yüreğir-89'a ait yaprak örneklerinde tae-miR167c'nin ifade düzeyinin arttığı görülmüştür. İlgili miRNA'nın hedef genlerinden biri olan, anotasyon ve fonksiyonu hakkında bilgi bulunmayan TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473350_AA1530460'nın ifadesinin ise kuraklık maruziyeti sonrasında azaldığı tespit edilmiştir (Şekil 4.62).

Yüreğir-89 kök dokularında ise stres sonrası miR167c'nin ifade seviyesinin yüksek düzeyde düşüş gösterdiği belirlenmiştir. miR167'deki bu düşüş analiz edilen 4-

hidroksifenilpiruvat dioksijenaz (4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase) enzimini kodlayan TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_ 485975_AA1555050 kodlu hedef gen ile 3-hidroksiizobutirat dehidrogenaz enzimini kodlyan (3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase) TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578394_AA1894090 kodlu hedef genlerin ifadesinde yükselişe sebep olmuştur (Şekil 4.64). GO anotasyon analizlerine göre bu enzimler sırasıyla fenilalanin metabolizmasında, valin, lösin-izolösin yıkımında görev yapan yolaklarda işlev göstermektedir. 4-hidroksifenilpiruvat dioksijenaz (HPPD), vitamin E'nin biyosentezinde yer alan ilk işlenmiş enzimdir. p-hidroksifenil piruvatın (HPP) homogentisik aside (HGA) dönüştürülmesini katalize eder. *HPPD* geni *Medicago sativa L.*'den klonlanmış ve yonca yapraklarında yüksek düzeyde ifade edilmiştir (Jiang vd., 2017). Polietilen glikol (PEG) yardımıyla verilen kuraklık, NaCl, salisilik asit ve absisik asit'in özellikle kotiledonlar ve kök örneklerinde bu genin ifadesini önemli seviyede tetiklediği gösterilmiştir. HPPD'nin aşırı ifadesi, *Arabidopsis* tohumlarında β-tokotrienol ve toplam vitamin E içerik düzeyini önemli ölçüde arttırdığı görülmüştür. Ek olarak, transgenik *Arabidopsis* tohumları normal koşullar altında ve aynı zamanda ABA ve NaCl faktörleri altında yabani tip tohumlarla karşılaştırıldığında hızlandırılmış bir çimlenme süresi göstermiştir. Tez çalışmasında, Yüreğir-89 kuraklık stresi sonrası kök dokularında miR167c'nin ifadesinin baskılanması sonucunda *HPPD*'geninin ifadesinin yükselmesi Yüreğir-89'un kök örneği için kuraklık stresine karşı geliştirdiği savunma yöntemlerinden biri olarak gösterilebilir.



Şekil 4.67 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.

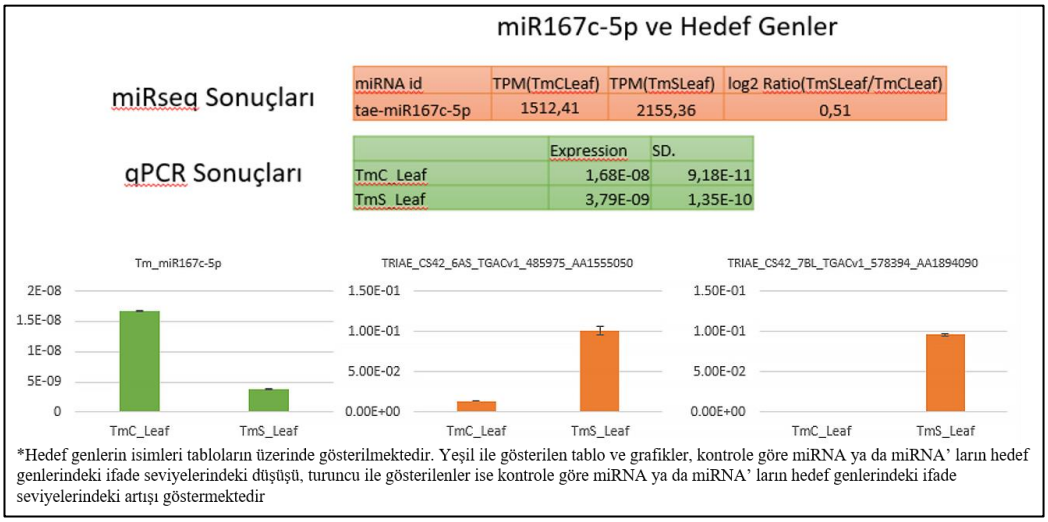


Şekil 4.68 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri.

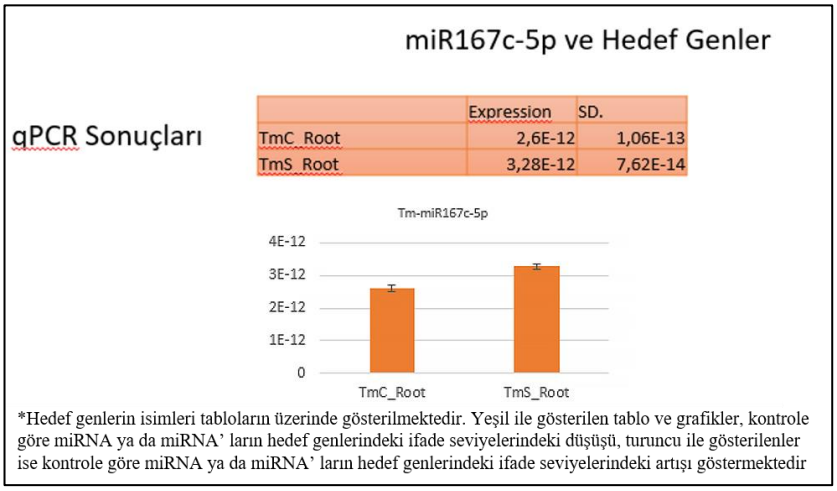
miRNom analiz sonuçlarına göre tae-miR167c'nin Siyez'de kontrol ve kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde ifadesinin arttığı tespit edilmiştir. Bununla ilgili olarak tae-miR167c'nin Yüreğir-89'daki aynı hedef genin ifadesinin de baskılandığı saptanmıştır (Şekil 4.65). Ancak miR167c'nin ifade düzeyi kök örneğinde yaprak örneğine göre karşıt bir durum göstermiştir. miR167c'nin ifadesi artmasına rağmen herhangi bir hedef genin ifadesi tespit edilememiştir (Şekil 4.66). Siyez yaprak örneğinde de HPPD'geninin ifadesindeki yükseliş, Siyez içinde bir kuraklık direnç mekanizması olarak söylenebilir. Bunun yanında 3-hidroksiizobutirat dehidrogenaz enzimi incelendiğinde, dallanmış zincirli amino asitlerin (BCAAs) yıkımında fonksiyon gösterdiği saptanmıştır (Schertl vd., 2017). Bitkilerde amino asit katabolizması özellikle metabolik stres koşullarında önem göstermektedir. Bu koşullarda amino asitler solunum için alternatif substratlar olarak kullanılır. Mitokondride BCAA'ların lösin, izolösin ve valin'in tam oksidasyonu, oksidatif fosforilasyon ile ATP oluşumuna etkili şekilde olanak vermektedir. 3-hidroksiizobutirat dehidrogenaz enziminin izolösin ve valin'in yıkımında görevli oldukları gösterilmiştir (Schertl vd., 2017). Böylelikle kuraklık stresi süresince Siyez yaprak örneklerinde metabolik aktivitelerin gerçekleştirilebilmesi için ihtiyaç duyulan enerjinin bir kısmının, bazı BCAA'ların yıkımı ile gerçekleştirildiği saptanmıştır. Bu durumda Siyez için kuraklığa karşı tolerans yöntemlerinden biri olarak söylenebilir.

Yüreğir-89 yaprak dokularının aksine Kızıltan-91'de tae-miR167c'nin ifadesi kuraklık stresi sonrası azalmıştır. Bu azalma sonrası belirlenen 3 farklı hedef genin ifadesinin yükseldiği gözlenmiştir (Şekil 4.67). Kızıltan-91'de tae-miR167c'nin ifadesinin stres sonrası düştüğü lakin bu düşüş sonrası hedef genlerin ifadesinin qRT-PZR ile

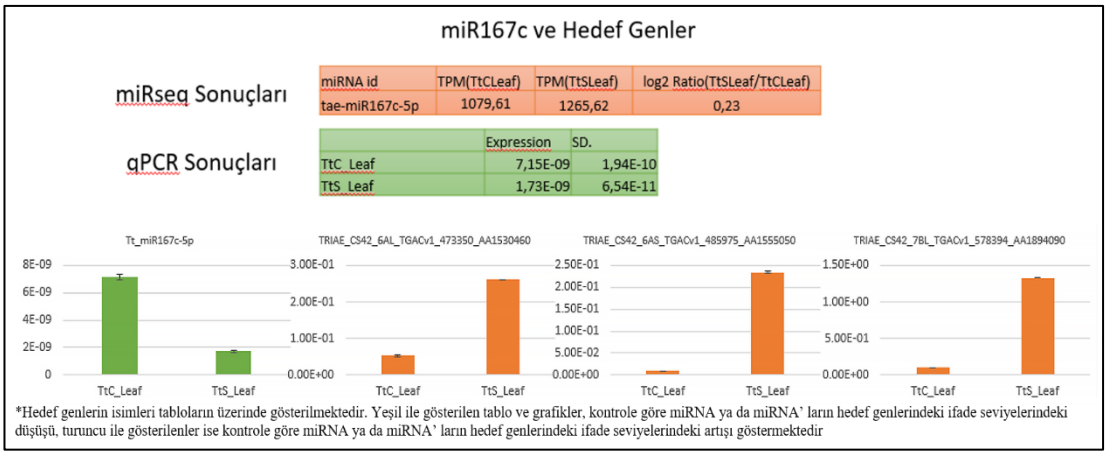
saptanamadığı gözlenmiştir (Şekil 4.68). Kızıltan-91'in kuraklığa karşı dirençli olduğu düşünülmektedir. miR167c, Kızıltan-91'in kuraklığa karşı geliştirdiği mekanizmalardan biri olarak söylenebilir. Yaprak ve kök örneklerinde bu miRNA'nın ifadesindeki düşüş abiyotik streste görevli olan önemli genlerin ifadesinde yükselişe neden olmuştur. Tez kapsamında saptanan tae-miR167c'nin hedef genleri olan 4-hidroksifenilpiruvat dioksijenaz ve 3-hidroksiizobutirat dehidrogenaz enzimlerini kodlayan genlerin ifade düzeylerindeki artış literatürde olduğu gibi kuraklık stresine karşı direnç mekanizmaları arasında bulunmaktadır.



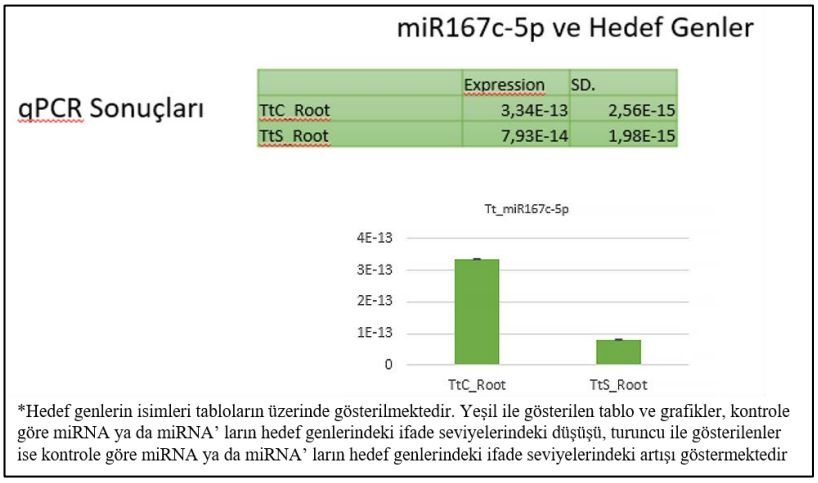
Şekil 4.69 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.70 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.71 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.72 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR167c' nin miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

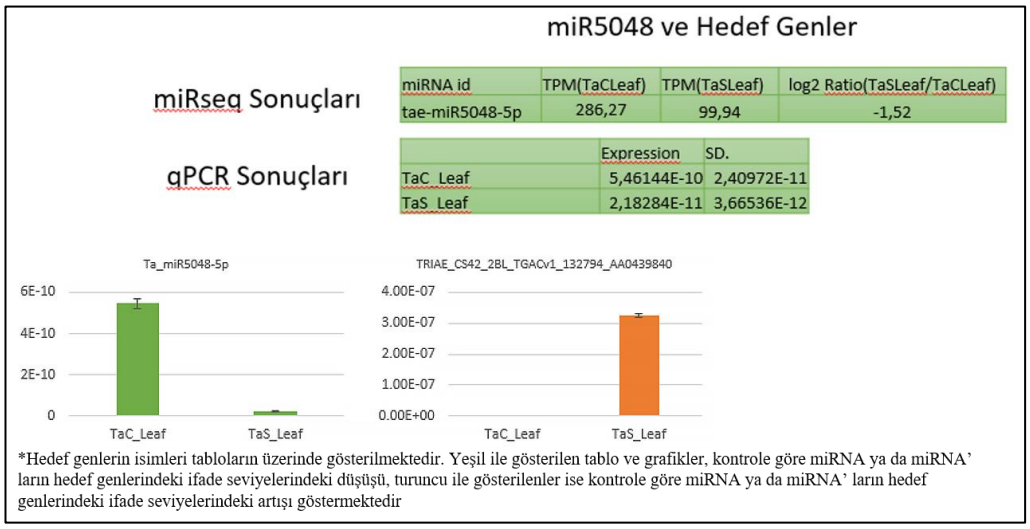
Literatüre baktığımızda tae-miR167c ile ilgili fazla çalışma bulunmamasına rağmen yabani soya fasulyesinin yaprak dokularında yüksek alkali stresinde miR167c'nin ifadesinin yükseldiği gözlemlenmiştir (Lv vd., 2012). Soya yapraklarında yüksek alkali uygulamasının 6. ve 12. saat sonrası kontrol örneklerine göre miR167c'nin iki kat yükseldiği tespit edilmiştir. Aynı çalışmada, daha önceki çalışmalara da (Wu vd., 2006) atıf yapılarak, miR167c'nin tüm ökaryotlarda korunan, büyük bir AuxREs (oksin-duyarlı cis-etkili elementleri) transkripsiyon faktörü ailesine ait 4 Arf geni hedef genleri olarak bulunmuştur. Tez çalışmasına benzer şekilde 2 tane henüz fonksiyonu bilinmeyen hedef gen saptanmıştır. Tüm hedef genlerin yüksek alkali uygulamasından hemen sonra ifade düzeylerinin ciddi şekilde düştüğü gözlenmiştir (Lv vd., 2012). Çalışmamızda Yüreğir-89 kontrol ve stres sonrası yaprak örneklerinde

literatür ile uygun sonuçlar elde edilmesine rağmen Siyez ve Kızıltan yaprak dokularında ise tae-miR167c'nin ifadesinin stres sonrası düştüğü gözlenmiştir. Ayrıca literatüre uygun şekilde yabani soya fasulyesinde olduğu gibi miR167c'nin bazı hedef genlerinin isim ve fonksiyonları ile ilgili bu çalışmada da bir bilgi elde edilememiştir.

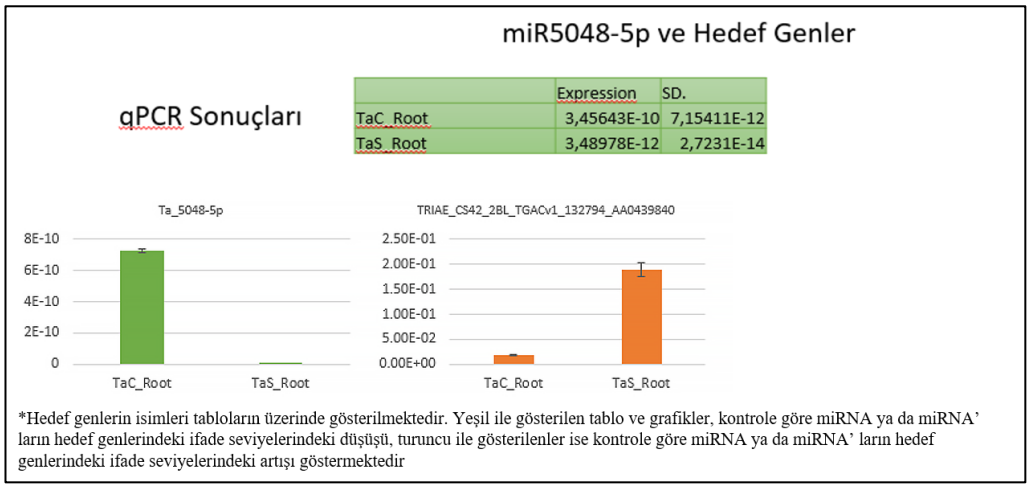
4.5.2.4 tae-mir5048

qRT-PZR doğrulaması için belirlenen diğer bir miRNA ise tae-miR5048'dir. Yüreğir-89'a ait kontrol ve stres uygulanmış yaprak dokularından alınan örnekler ile miRNom ve qRT-PZR analizleri karşılaştırılmış ve her iki analiz sonuçlarının birbirleri ile uyumluluk gösterdiği tespit edilmiştir. Kuraklık stres uygulamasının tae-miR5048'in ifade seviyesinde düşüşe neden olduğu ve buna bağlı olarak TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_ 132794_AA0439840 kodlu hedef gen üzerinde baskılamasının ortadan kalkması nedeniyle ifadesinde artış olduğu görülmüştür (Şekil 4.69). Yüreğir-89'un kök örneklerinde ise miRNA dizileme sonuçlarında tae-miR5048'in ifadesi ile ilgili veri elde edilememesine karşın, qRT-PZR analizleri miRNA'nın ifade seviyesinde kuraklığa bağlı olarak düşüş meydana geldiğini ortaya çıkarmıştır. Yine aynı hedef genin konu edildiği qRT-PZR deneyleri, hedef genin ifadesinde artış olduğunu göstermiştir (4.70). İlgili hedef genin anotasyonu incelendiğinde, genin kazein protein kinaz 2' yi (casein protein kinase 2, CK2) kodladığı bulunmuştur. Protein kinaz (CK2), tüm ökaryotlarda bulunan devamlı sentezlenen bir Ser / Thr kinazdır ve eskiden kazein kinaz II olarak isimlendirilmiştir. CK2, bitkilerde ışık sinyallemesi ve sirkadiyen saat dahil çoklu gelişimsel ve strese duyarlı yolaklarda işlev görmektedir (Mulekar ve Huq, 2014). Genel olarak transkripsiyon faktörleri veya düzenleyici proteinler CK2'nin substratlarını oluşturmaktadırlar. Yapılan bir çalışmada CK2'nin substratı ABA 17 (Rab17) incelenmiştir (Riera vd., 2004). İlgili çalışmada, mısırda stres altında tohum çimlenmesinin durmasının nedeni, ABA 17' ye yanıt veren CK2 substratı olarak belirlenmiştir. Rab17 fosforilasyonu, hücre içi lokalizasyonun yanı sıra fonksiyon içinde gereklidir. Rab17 fosfotansif mutantı, nükleolde birikmiş ve *Arabidpsis* bitkisinde aşırı ifade edildiğinde yüksek tuz stresinde çimlenmeyi durdurmadığı belirlenmiştir. Bu CK'nin bir görevi olduğunu göstermektedir (Riera vd., 2004). Yüreğir-89 kök ve yaprak örneklerinde stres sonrası tae-miR5048'in ifadesinin

düşmesi bu miRNA'nın hedeflerinden biri olan CK2'nin ifadesinin yükselmesine bu da CK2 substratlarından bir ya da birden fazlasının ifadesinin artarak Yüreğir-89'un kuraklığa direnç yollarından birini oluşturabileceği tahmin edilmektedir.



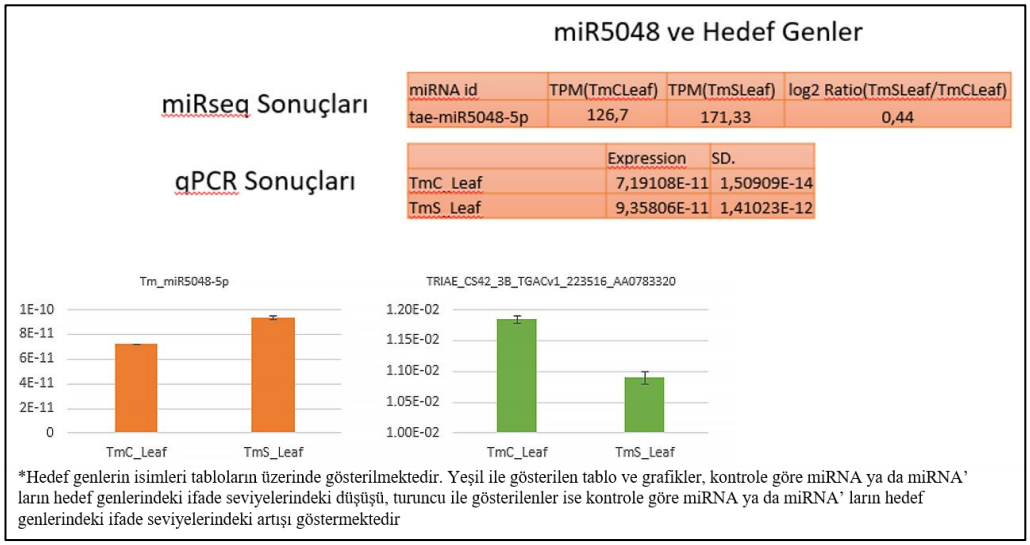
Şekil 4.73 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.74 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-mir5048' in ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

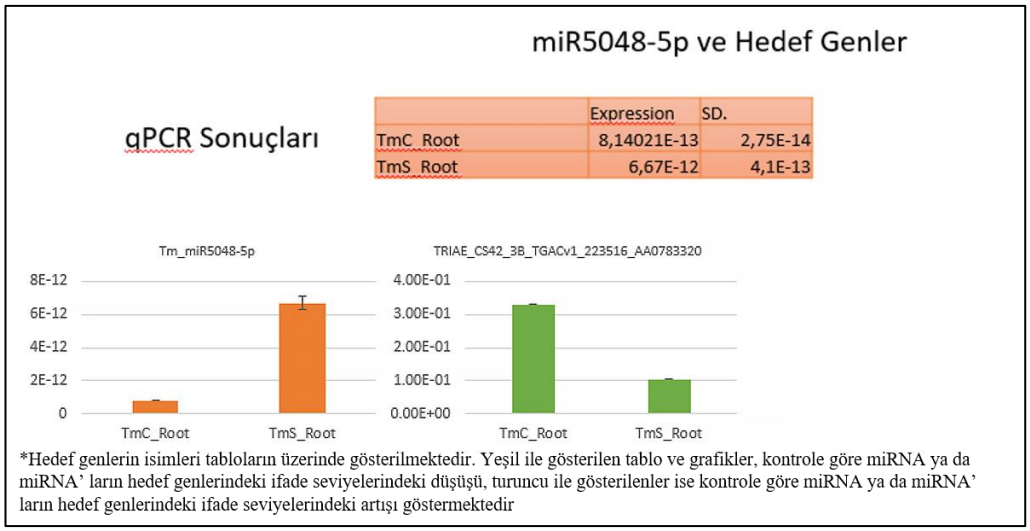
tae-miR5048'in Siyez yaprak örneklerinde miRNA dizileme ve qRT-PZR sonuçları incelendiğinde kuraklık stresi ile beraber tae-miR5048'in ifadesinin yükseldiği tespit edilmiştir. Bununla ilişkili olarak vezikül ile ilişkili ilişkili zar proteini 7 (vesicle-associated membrane protein 7, VAMP7) olarak isimlendirilen hedef genin ifade düzeyinin düştüğü gözlenmiştir (Şekil 4.71). Benzer şekilde Siyez kök örneklerinde de stres sonrası tae-miR5048'in ifade yükselişi ve aynı hedef genin buna bağlı

ifadesinin düştüğü belirlenmiştir (Şekil 4.72). Triaçilgliserol, ER'den cis-Golgi'ye özel bir kesecik ile pre-chylomicron transport vezikülü (PCTV) aracılığıyla taşınır. VAMP7, PCTV membranları üzerinde ER membranlarına göre daha konsantre bulunmuştur. VAMP7 daha önce golgi sonrası bölgelerle ilişkili olarak tanımlanmıştır (Siddiqi vd., 2006). VAMP7'nin intestinal ER'de yoğun şekilde bulunduğunu ve triaçilgliserol'ün ER'den golgi'ye taşınmasında fonksiyonel görev aldığı ayrı araştırmacılar tarafından rapor edilmiştir. Siyez kök ve yaprak örneklerinde stres sonrası tae-miR5048'in ifadesinin yükselmesi ile *VAMP7* geninin ifadesinin düşmesi, Siyez'in triaçilgliserol taşınımını azaltma eğilimine yöneldiği gözlenmiştir. Bu şekilde Siyez kuraklık stresiyle savaşırken lipid metabolizmasına bağlı işlemleri yavaşlatma girişiminde bulunduğu söylenebilir.



Şekil 4.75 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Kızıltan-91 yaprak örneklerinde stres sonrası tae-miR5048 için miRNom ve qRT-PZR sonuçları örtüşmekte olup, tae-miR5048'in ifadesinin Siyez örneklerine benzer şekilde arttığı gözlenmiştir (Şekil 4.73). Aynı şekilde Kızıltan-91 kök örneklerinde kuraklık sonrası tae-miR5048'in ifadesinin arttığı qRT-PZR ile gösterilmiştir (Şekil 4.74). tae-miR5048 için 3 farklı hedef gen seçilmiş, bunların gen kodları ve fonksiyonları Tablo 4.9'da verilmiştir. Ancak, Kızıltan-91 yaprak ve kök örnekleri için seçilen hiçbir hedef genin ifadesi qRT-PZR ile verilememiştir. Bu durumun olası nedenleri arasında hedef genlerin ifadesinin belirlenebilecek düzeyden de az olması düşünülmektedir.

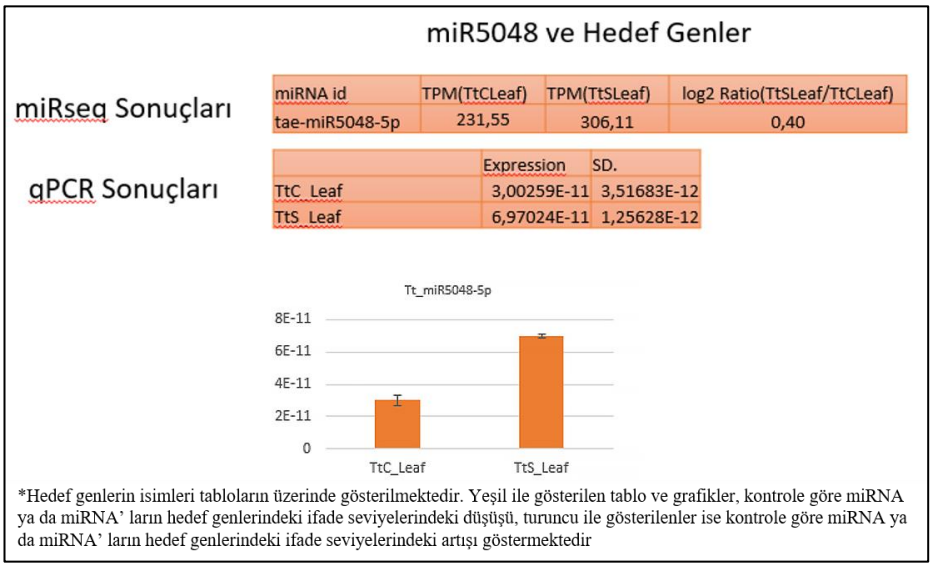


*Hedef genlerin isimleri tabloların üzerinde gösterilmektedir. Yeşil ile gösterilen tablo ve grafikler, kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki düşüşü, turuncu ile gösterilenler ise kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki artışı göstermektedir

Şekil 4.76 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-mir5048' in ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

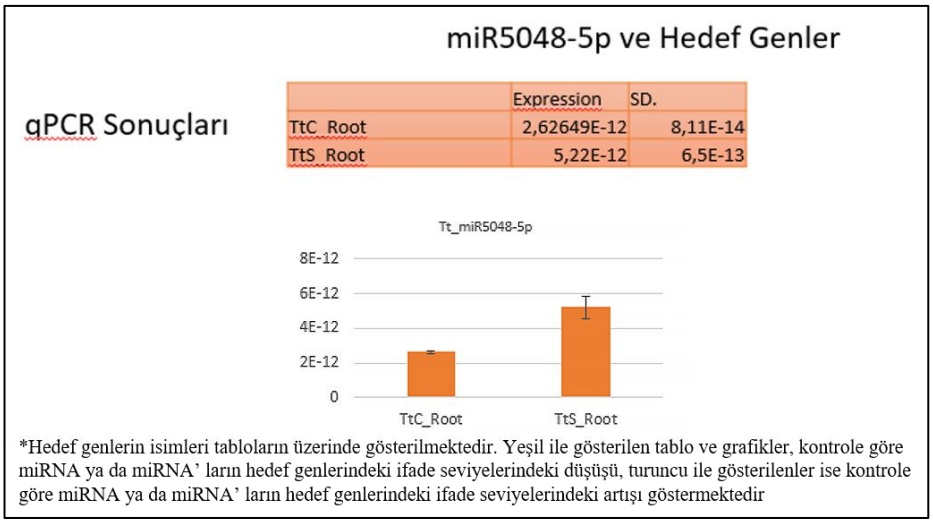
Tablo 4.9 tae-mir5048' için hem biyoinformatik hem de degradom analiz sonuçlarına göre seçilen üç farklı hedef genin kod ve annotasyon bilgileri

Gen Kodu	Annotasyon
TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_501865_AA1621120	nükleoprotein TPR
TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_132794_AA0439840	kazein protein kinaz 2 (CK)
TRIAE_CS42_3B_TGACv1_223516_AA0783320	vezikül ile ilişkili zar proteini 7



*Hedef genlerin isimleri tabloların üzerinde gösterilmektedir. Yeşil ile gösterilen tablo ve grafikler, kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki düşüşü, turuncu ile gösterilenler ise kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki artışı göstermektedir

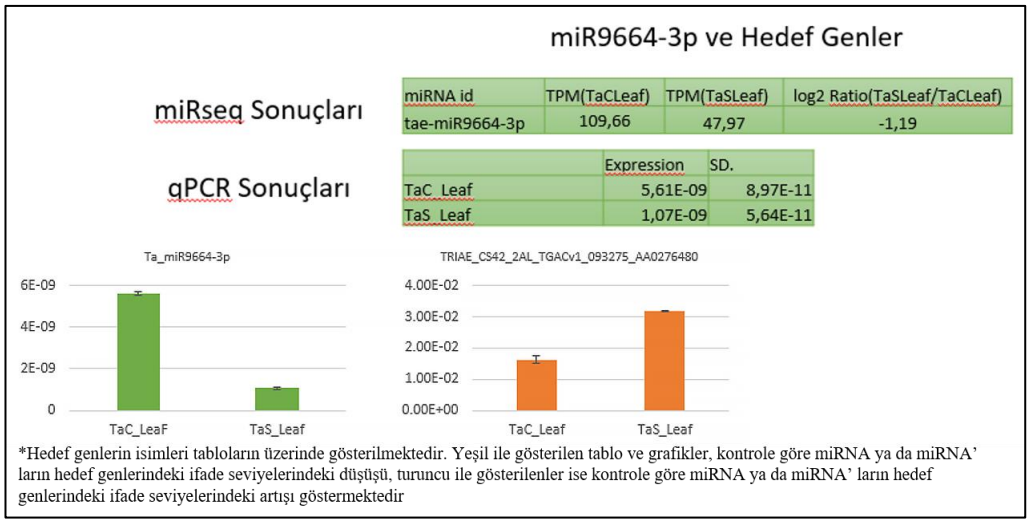
Şekil 4.77 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.78 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-mir5048' in miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

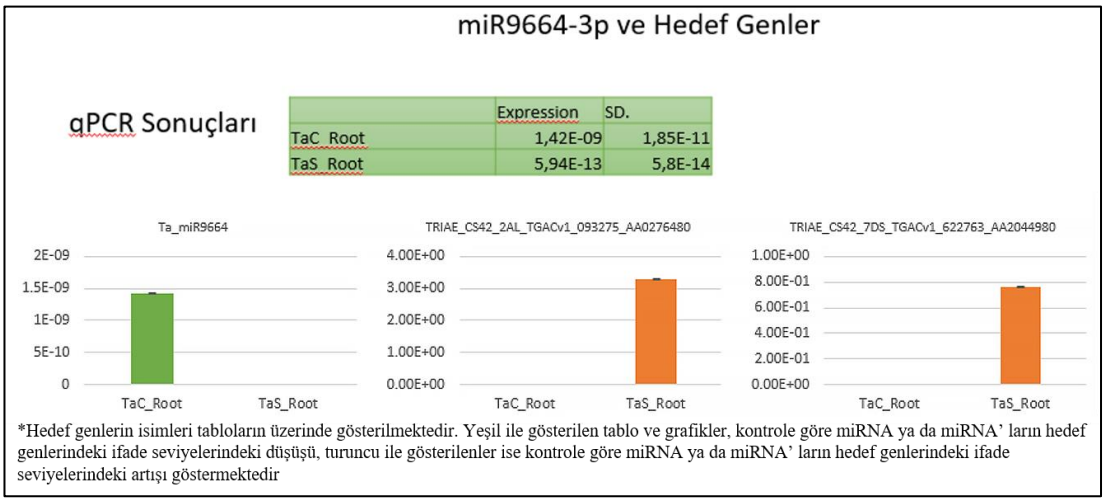
4.5.2.5 tae-miR9664

Tüm buğday türleri için yaprak örneğinde miRNA dizilemesi ve qRT-PZR ile doğrulama çalışmaları için seçilen diğer miRNA tae-miR9664'tür. Yüreğir-89 yaprak kısımları için bu miRNA'nın miRNA dizileme ve qRT-PZR sonuçları birbiriyle paralelelik göstermektedir. İki analiz sonucunda da tae-miR9664'ün ifade düzeyinde düşüş gözlemlenmiştir. Tae-miR9664 kalsiyum bağımlı protein kinaz (Calcium-dependent protein kinase 2) olası fonksiyonuna sahip ve TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_ 093275_AA0276480 kodlu hedef genin kuraklık stresinde kontrole göre ifadesinin yükseldiği gözlenmiştir (Şekil 4.75). Yüreğir-89 kök dokularında miRNom analizi sonrası tae-miR9664'ün ifadesine rastlanmamış olup, sadece qRT-PZR yapılmış ve ifadesinin stres sonrası azaldığı saptanmıştır. Buna bağlı olarak yaprakta da ifadesi yükselen kalsiyum bağımlı protein kinaz ile Hsp90 gen ailesine ait TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_622763_AA2044980 kodlu hedef genlerin kök örneğinde ifadesinin yükseldiği belirlenmiştir (Şekil 4.76). Yakın zamanlı çalışmalar Hsp90'lar bitki gelişiminde, stres yanıtında ve hastalık direncinde önemli rol oynarlar (Jarosz ve Lindquist, 2010; Rizhsky vd., 2002; Sangster ve Queitsch, 2005). Sonuçlarımız, literatür ile uygunluk göstermekte olup yüreğir-89'un kök örneğinde *Hsp90* hedef geninin ifadesinin yükselmesi, kuraklık stresine göstermiş olduğu tepkilerden olabilir.



*Hedef genlerin isimleri tabloların üzerinde gösterilmektedir. Yeşil ile gösterilen tablo ve grafikler, kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki düşüşü, turuncu ile gösterilenler ise kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki artışı göstermektedir

Şekil 4.79 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

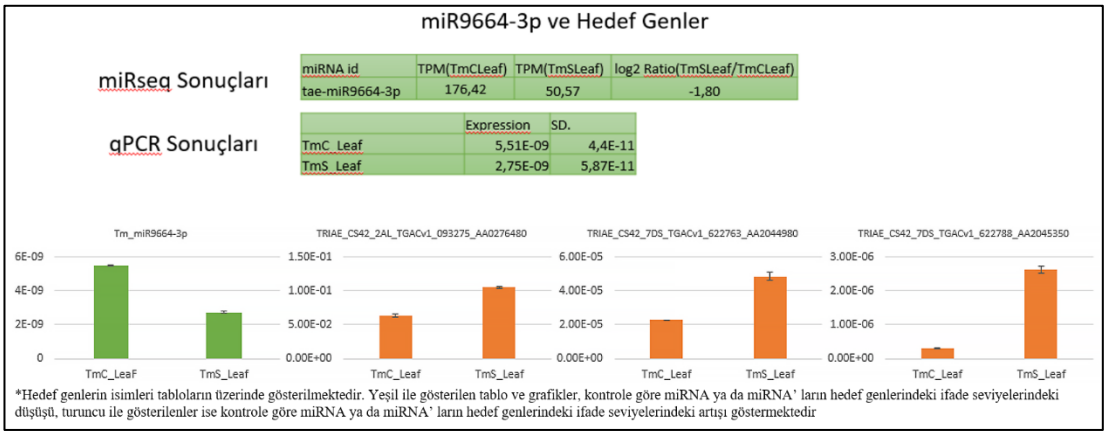


*Hedef genlerin isimleri tabloların üzerinde gösterilmektedir. Yeşil ile gösterilen tablo ve grafikler, kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki düşüşü, turuncu ile gösterilenler ise kontrole göre miRNA ya da miRNA' ların hedef genlerindeki ifade seviyelerindeki artışı göstermektedir

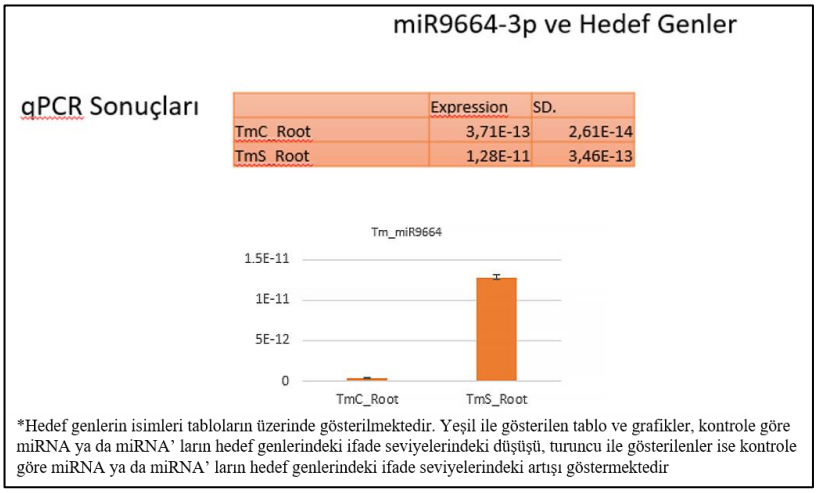
Şekil 4.80 Yüreğir-89 ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Benzer olarak, Siyez yaprak dokularında tae-miR9664'ün ifadesi miRNom analizi sonucunda yaklaşık 3.5 kat, qRT-PZR sonucuna göre yaklaşık 2 kat düşüş gözlenmiştir. Tae-miR9664'ün ifade düzeyindeki düşüş sonucunda seçilen tüm hedef genlerin ifade düzeylerinin arttığı qRT-PZR analiz sonuçları ile ortaya çıkmıştır (Şekil 4.77). Hedef genlerden TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_622788_AA2045350 kodlu gen Serin-glioksilat aminotransferaz (Serine-glyoxylate aminotransferase) enzimini ve TRIAE_CS42_7DS_ TGACv1_622763_ AA2044980 kodlu gen ise ısı şoku protein 90 (heat shock protein 90) proteinini kodlamaktadır. Böylece, Siyez yaprak örneğinde tae-miR9664'ün ifade düzeyi kuraklık stresinde azalınca hedef genlerin kuraklık stresine verdikleri yanıt kontrol örneklerine göre artmaktadır. Siyez'de kontrol ve

kuraklık stresi sonrası kök dokularında tae-miR9664'ün ifadesi sadece qRT-PZR kullanılarak tespit edilmiştir. Bu analiz sonrası tae-miR9664'ün ifadesinin kuraklık stresi ardından yükseldiği saptanmıştır (Şekil 4.78). Ancak seçilen hedef genlerin hiçbirisi qRT-PZR ile tespit edilememiştir.



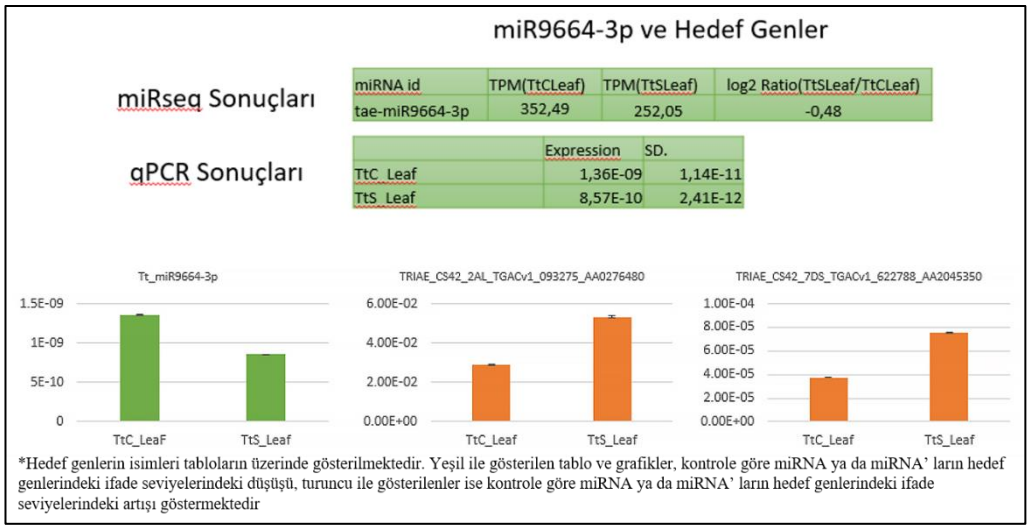
Şekil 4.81 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



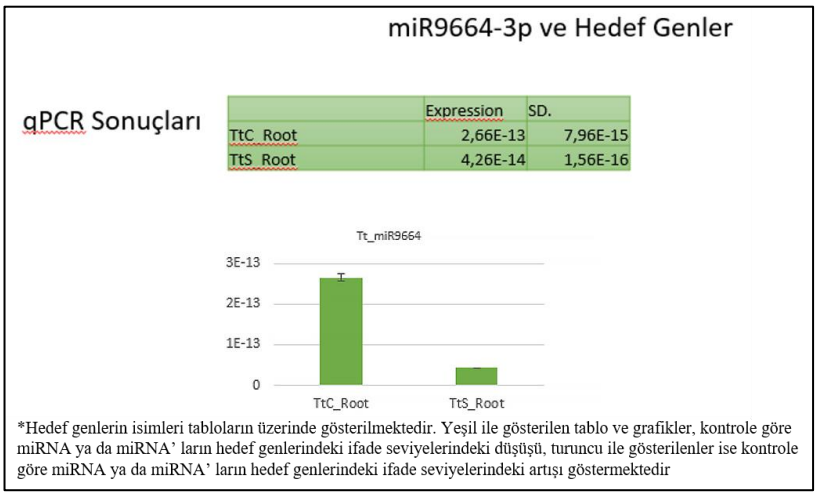
Şekil 4.82 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Son olarak tae-miR9664'ün Kızıltan-91 yaprak örneklerindeki dizileme ve PCR analizleri incelenmiş bu miRNA'nın her iki analiz sonucunda ifade düzeyinin azaldığı gözlenmiştir. Ayrıca bu miRNA'ya ait kalsiyum bağımlı protein kinaz ile Serin-glioksilat aminotransferaz enzimlerini (SGAT) kodlayan hedef genlerin ifade düzeylerinde yükseliş saptanmıştır (Şekil 4.79). Bu durum Kızıltan-91'in yaprak örneklerinde tae-miR9664'ün kuraklık stresi sonrası ifadesinin düşmesi ile açıklanabilir. Kızıltan-91 kontrol ve kuraklık stresi sonrası tae-miR9664'ün sadece

ifade düzeyindeki değişiklikler qRT-PZR ile saptanmıştır. Bu dokuda miRNom ve hedef genlere yönelik ifade değişimi belirlenememiştir. Kızıltan-91'in kök dokularında stres sonrası tae-miR9664'ün ifadesinin önemli şekilde azaldığı gözlenmiştir. Bu düşüşten sonra seçilen hedef genlerin ifadesi gözlenememiştir (Şekil 4.80).



Şekil 4.83 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri



Şekil 4.84 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış kök dokularında, tae-miR9664' ün miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

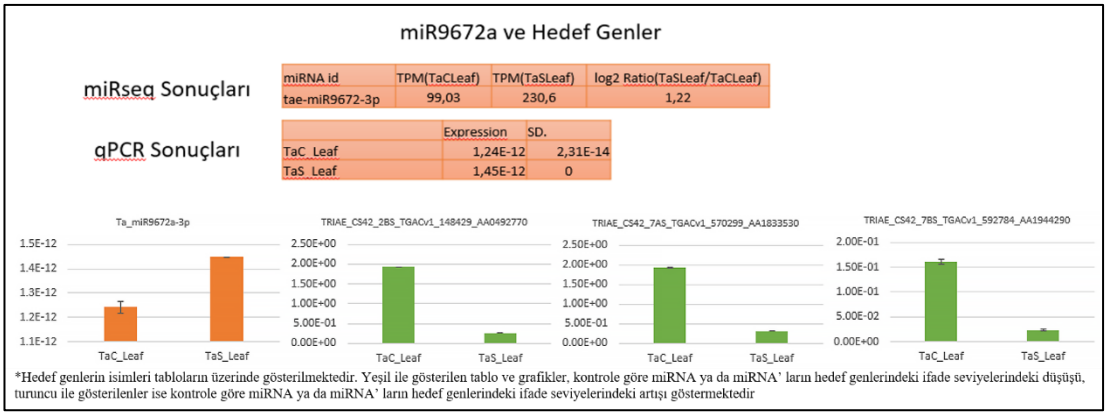
Tae-miR9664, 2014 yılında ilk olarak Han vd. (2014) tarafından yapılan bir araştırma ile çimlenen buğday tohumundan ortaya çıkarılmıştır. Buğday yapraklarında ve tohumların gelişmesinde görev alan miRNA'ların düzenleyici ağlarını açıklığa kavuşturan bir çalışma olup, tae-miR9664 ile beraber 55 adet yeni miRNA

belirlenmiştir. Bu çalışmada ve literatürde tae-miR9664 özel olarak çalışılmamış, hedef genleri hakkında bir araştırma yapılmamıştır. Tez çalışmasında ise Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'in yaprak dokularının hepsinde miRNom ve qRT-PZR analiz sonrası tae-miR9664'ün ifadesinin stres sonrası düştüğü ve bununla ilişkili olarak Serin-glioksilat aminotransferaz (SGAT) enzimi ve ısı şoku protein 90'ı kodlayan hedef genlerin ifadesinin yükseldiği gözlenmiştir. SGAT, fotorespirasyon sırasında glioksilat ve serini, glisin ve hidroksipiruvata dönüştürür (Modde vd., 2017). Bitkiler kuraklık stresi ile karşılaştıklarında prolin, glisin ve betain gibi ozmoprotektanların üretimini arttırmaktadırlar (Baloğlu vd., 2012; Kavas vd., 2013). Dolayısıyla, bütün buğday türlerinde kuraklık stresi sonrası yaprak örneklerinde SGAT enzimini kodlayan genin ifadesinin yükselişi bu şekilde açıklanabilir. Ayrıca, ısı şoku proteinlerini kodlayan genlerde kuraklık ve tuz stresi sonrası ifade düzeylerinin arttığı literatürdeki diğer çalışmalar ile gösterilmiştir (Yer vd., 2016). Böylece diğer fonksiyonlara ilaveten ısı şoku proteinlerini kodlayan genlerin farklı abiyotik faktörlerdede stres cevap genleri olarak işlev yaptığı bildirilmiştir. Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'in yaprak dokularının kuraklığa gösterdiği yanıtlar, miRNA ve mRNA düzeyinde incelenmiş, literatürde abiyotik streslerle ilgili benzer sonuçlar elde edilmiştir. Sadece Yüreğir-89'un kök dokularında yaprak dokularına yakın sonuçlar elde edilmiş bu durum Yüreğir-89'un seçilen bütün dokuları ile kuraklık stresine karşı yanıt oluşturmaya çalıştığını göstermektedir.

4.5.2.6 tae-miR9672a

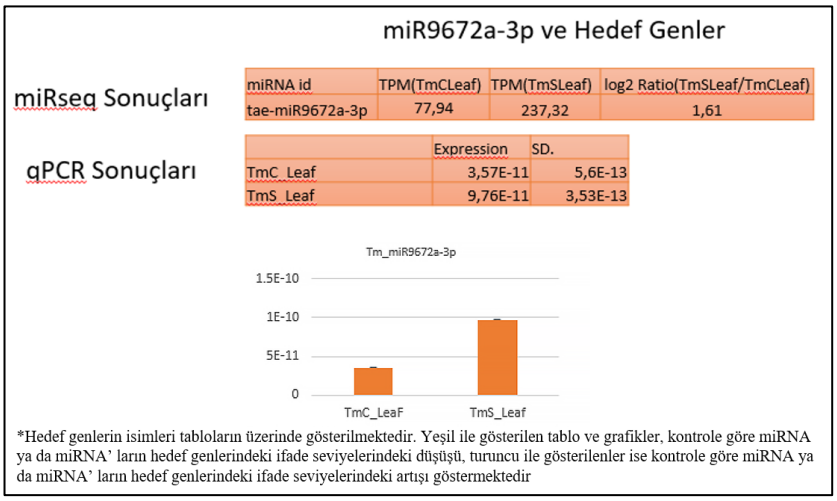
Tüm buğday türleri için yaprak örneğinde miRNA dizilemesi ve qRT-PZR ile doğrulama çalışmaları için seçilen diğer miRNA tae-miR9672a'dır. Bu miRNA'nın miRNom ve qRT-PZR analizleri ilk olarak Yüreğir-89'a ait kontrol ve kuraklık stresi uygulanmış yaprak dokusu örnekleri üzerinde yapılmıştır. miRNom analizine göre kontrol'de TPM değeri 99.03 iken stres sonrasında bu değer 230.6'ya çıkarak yaklaşık 2.3 katlık artış göstermiştir. Aynı miRNA'nın qRT-PZR analizleri de miRNom sonuçları ile paralel şekilde ifade seviyesinde kontrole göre 1.2 kat artış olduğunu göstermiştir (Şekil 4.81). tae-miR9672a tarafından hedeflenen genler arasından 3 tanesi seçilerek qRT-PZR analizleri yapılmıştır. Belirlenen hedef genlerin anotasyonları incelendiğinde, bunlardan ikisinin alanin-glioksilat transaminaz/ serin-

glioksilat transaminaz (alanine-glyoxylate transaminase/serine-glyoxylate transaminase) enzimlerini, üçüncüsünün ise piruvat dehidrogenaz E1 (pyruvate dehydrogenase E1) enzimini kodlayan genler olduğu tespit edilmiştir. qRT-PZR ile yapılan ifade analiz sonuçlarına göre, belirlenen tüm hedef genlerin de ifadesinin kontrole göre düşüş gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.81). Bu genleri hedef alan tae-miR9672a'nın kuraklığa bağlı olarak ifade seviyesinin yükselmesi ve hedef genlerin üzerlerindeki miRNA baskısı sonucu ifadelerinin düşmesi beklenen bir sonuçtur. Piruvat dehidrojenaz kompleksi (PDC), asetil-CoA ve NADH elde etmek için piruvatı karmaşık oksidatif dekarboksilasyonunu katalize eden bir multienzim kompleksidir. PDC kompleksi, bitkilerde üç temel bileşenden oluşur: piruvat dehidrojenaz (E1), dihidrolipoil asetiltransferaz (E2) ve dihidrolipoil dehidrojenaz (E3) (Tovar-Méndez vd., 2003). Bunlar metabolizma ile direk ilişkili olup, sitrik asit döngüsü (TCA) ve pirüvat metabolizmasında rol alan enzimlerdir. qRT-PZR sonuçlarına göre piruvat dehidrogenaz E1 ifadesinde kuraklık stresinden sonra düşüş meydana gelmesi, Yüreğir-89'un kuraklık stresine bağlı olarak hayatta kalmak üzere metabolik faaliyetlerini yavaşlattığına dair bir göstergesi olarak düşünülebilir. Ayrıca alanin-glioksilat transaminaz/ serin-glioksilat transaminaz (*AGXT1* ve *AGXT2*) hedef genlerinin ifade seviyelerinde de düşüş olması bu durumu destekleyen diğer kanıtlar olarak gösterilebilir. *AGXT1* ve *AGXT2* genlerinin, GO ve MapMan analizlerine göre: Glyoxylate ve dikarboksilat metabolizması; Glisin, serin ve treonin metabolizması; Alanin, aspartat ve glutamat metabolizması gibi metabolik yolaklarda rol oynamaları, Yüreğir-89' un kuraklık stresi boyunca metabolik aktivitelerini düşürdüğünün bir göstergesi olarak düşünülebilir.



Şekil 4.85 Yüreğir-89' a ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9672a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

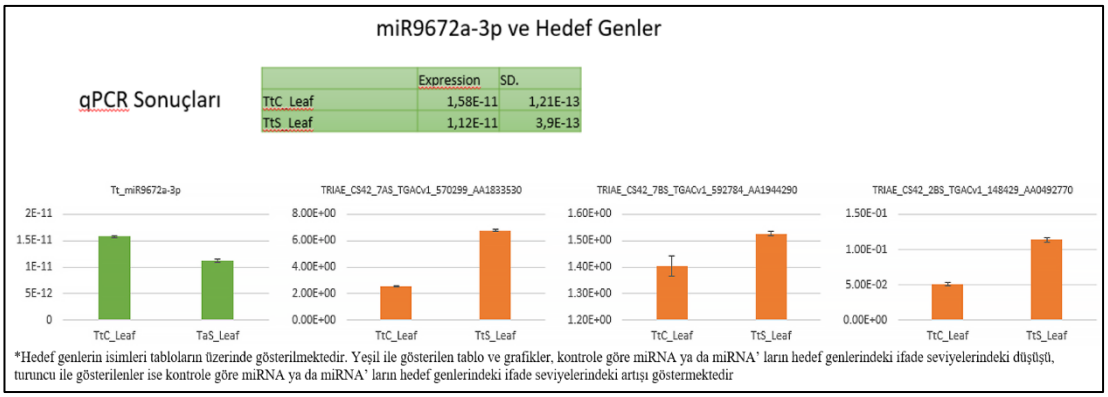
Kontrol grubu ve kuraklık stresi uygulanmış Siyez bireylerinden toplanan yaprak dokusu örnekleri kullanılarak tae-miR9672a için miRNom ve qRT-PZR analizleri yapılmış olup, her iki analizin sonuçları da birbiriyle uyumlu şekilde ilgili miRNA'nın ifadesinin yüksek düzeyde arttığını göstermiştir (Şekil 4.82). Diğer taraftan, qRT-PZR deneyleri ile tae-miR9672a'nın belirlenen hedef genlerinden hiçbirinin ifade seviyeleri belirlenememiştir. Bunun nedeni, hedef genlerin ifadesinin qRT-PZR ile ölçülemeyecek kadar düşük olması olabilir.



Şekil 4.86 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae-miR9672a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Kızıltan-91 yaprak dokusu örneklerinde, tae-miR9672a ve hedef genlerinin kuraklık stresine bağlı ifade seviyelerindeki değişimler, miRNom ve qRT-PZR analizleri ile belirlenmiştir. Kuraklık stresi sonucunda, tae- miR9672a' nın ifade seviyesi azalırken, beklendiği şekilde miRNA'nın hedef genlerinin ifadesinin ise arttığı tespit edilmiştir (Şekil 4.83). Metabolizma ile yakından ilişkili genlerin, kuraklık stresi uygulanmış yaprak dokusu örneklerinde ifade seviyelerinin artış göstermesi, Kızıltan-91' in kuraklık stresinden fazla etkilenmeden metabolik faaliyetlerini yerine getirebildiğinin bir göstergesi olarak düşünülebilir.

Son olarak, tae-miR9672a ve her üç hedef geni, tüm buğday çeşitlerinin kök örneklerinde de hem miRNA dizileme hem de qRT-PZR ile analiz edilmiş, ancak ifade seviyeleri belirlenememiştir. miRNA'nın ve hedef genlerinin kök dokularında çok düşük seviyelerde ifade ediliyor olma ihtimali bunun nedeni olabilir.



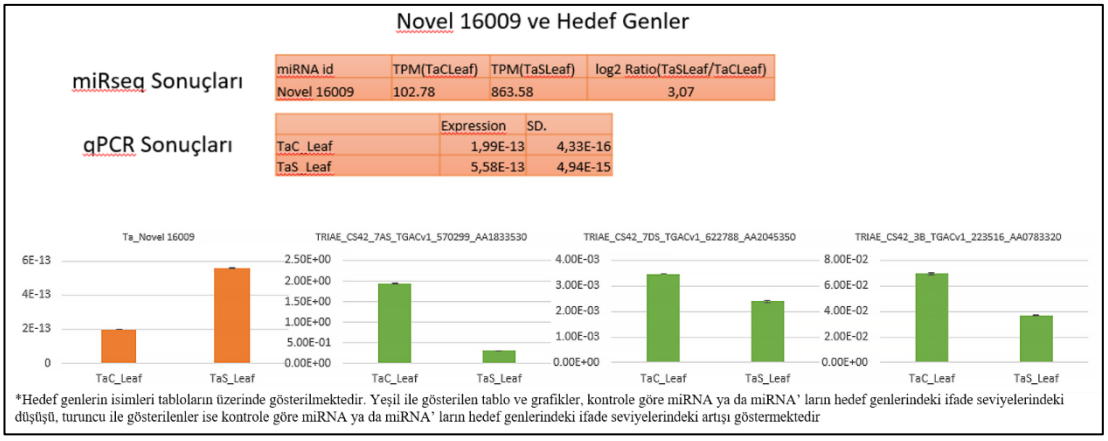
Şekil 4.87 Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, tae- miR9672a' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

4.5.2.7 Novel miRNA16009

Tez çalışması kapsamında, ilk defa bu çalışma ile ortaya çıkarılan, daha önceden belirlenmemiş miRNA'ların ifade seviyelerindeki değişimlerde analiz edilmiştir.

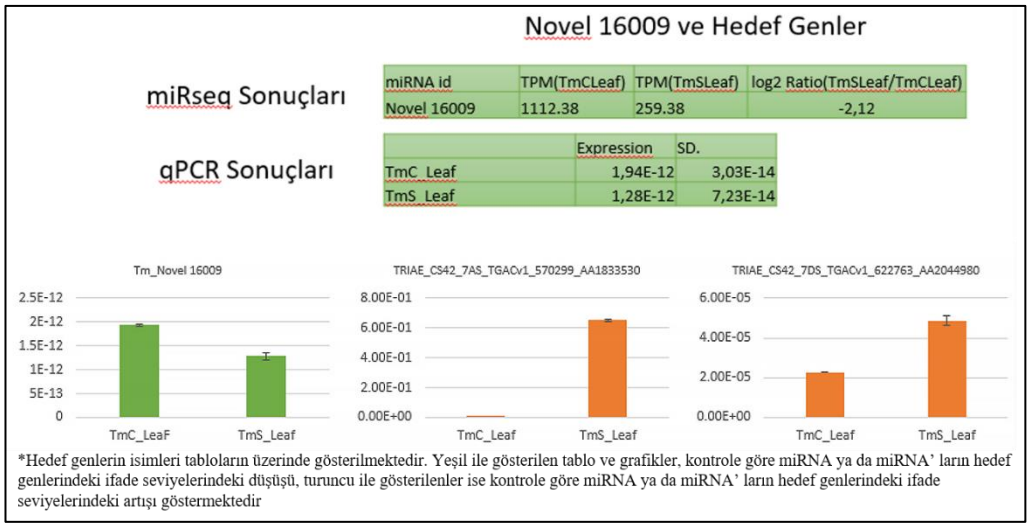
Yüreğir-89'a ait kontrol grubu ve kuraklık stresi uygulanmış yaprak dokusu örnekleri üzerinde Novel miRNA16009 (5'-AATGCAACACGAGGACTTCCC-3')'un ifade seviyeleri incelenmiştir. Kuraklık stresi uygulamasının Novel miRNA16009'un ifade seviyesinde, miRNom sonuçların da göre 8.5 kat ve qRT-PZR sonuçlarına göre ise 4 kat artışa sebep olduğu belirlenmiştir. Bu analiz sonucunun birbirleri ile örtüştüğü görülmektedir. İlgili yeni miRNA'nın ifadesindeki artış neticesinde, beklendiği gibi belirlenen tüm hedef genlerin ifade seviyeleri ise düşmüştür (Şekil 4.84). GO annotasyon analizi sonucuna göre; TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570299_AA1833530 ve TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_622788_AA2045350 kodları ile adlandırılan ilk iki hedef gen, Serin-glioksilat aminotransferaz (Serine-glyoxylate aminotransferase, SGAT) enzimini ve TRIAE_CS42_3B_TGACv1_223516_AA0783320 kodlu hedef gen ise şu ana kadar fonksiyonu belirlenmemiş bir geni temsil ettiği belirlenmiştir. Glioksilat ve serini, fotorespirasyon sırasında glisin ve hidroksipiruvate dönüştüren SGAT'ın, asparajin dahil olmak üzere birçok başka substratı da bulunmaktadır (Modde vd., 2017). Modde vd. (2017) metabolizmada çok büyük değişikliklere neden olan SGAT aktivitesinin, ayrıca *Arabidopsis*' in fotosentetik CO_2 alımı ve biyokütle birikimine müdahale ettiğini göstermişlerdir. Bununla beraber, fotorespirasyon sırasında daha hızlı serin deviri, gün boyunca yaprak serin muhteviyatının yavaşça düştüğünü ve sonuç olarak fosfoserin

yolunu uyardığını rapor etmişlerdir. Bu durum, *SGAT* genlerinin transgenik *Arabidopsis*'te aşırı ifade edilmesi sonucunda, transgenik olmayan yabanıl tip *Arabidopsis*' e göre fotosentetik aktivitede ve biyokütlede azalış ile sonuçlandığı göstermiştir (Modde vd., 2017). Tez çalışmasında elde ettiğimiz sonuçlar, Novel miRNA16009' un hedef genlerinden olan *SGAT* genlerinin ifadesinin miRNA'da artışa bağlı olarak baskılanması sonucunda, kuraklık stresinde *SGAT* genlerinin ifadesinin düşmesi, kuraklık stresi boyunca fotosentezin etkilenmeden devam ettiğinin bir göstergesi olarak düşünülebilir. Dahası, bu hedef genlerin ifadesindeki azalış, kuraklık stresine karşı Yüreğir-89 için bir direnç mekanizması olarak da düşünülebilir.



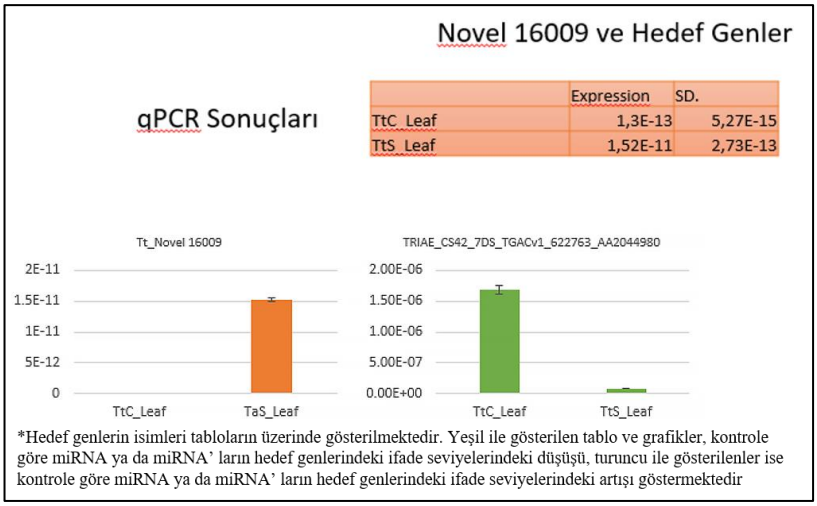
Şekil 4.88 Yüreğir-89'a ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, Novel miRNA16009' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Siyez'e ait kontrol grubu ve kuraklık stresine maruz bırakılmış yaprak dokusu örnekleri incelendiğinde, Yüreğir-89 için yukarıda bahsedilen durumun söz konusu olmadığı söylenebilir. Hem miRNom hem de qRT-PZR analizleri, kuraklık sonrasında Novel miRNA16009'un ifadesinin azaldığını göstermektedir. miRNA'nın ifadesinin azalmasına bağlı olarak, *SGAT* genlerinden birinin ve TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_622763_AA2044980 kodlu Hsp90 ailesine ait diğer hedef genin ifadesinin arttığı tespit edilmiştir. (Şekil 4.85). *SGAT* genlerinin ifadesindeki artışın, kuraklık stresi altında Siyez de fotosentezin etkilendiğini ve buna bağlı olarak biyokütlede azalma meydana gelmesinin bir göstergesi olarak yorumlanabilir. Bunun yanında, Hsp90 genlerinden birinin ifadesindeki artış, Siyez'in kuraklık stresine karşı mücadelesinin bir sonucu olarak metabolizmasını yavaşlattığı olarak yorumlanabilir.



Şekil 4.89 Siyez' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, Novel miRNA16009' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Kızıltan-91'e ait yaprak dokusu örnekleri ile yapılan analiz sonuçları da, Novel miRNA16009'un ifade seviyesinin bariz biçimde arttığını göstermektedir (Şekil 4.86). Kuraklık stresi sonucunda, Yüreğir-89 yaprak dokularına benzer şekilde Kızıltan-91 yaprak dokularında da *SGAT* genlerinden birinin ifadesindeki azalış, fotosentezin stresten fazla etkilenmeden devam etmesinin bir göstergesidir. Kuraklık stresine karşı Kızıltan-91 ve Yüreğir-89'un oluşturdukları cevaplar miRNom ve transkriptom seviyesinde benzerlikler göstermektedir.



Şekil 4.90 Kızıltan-91'e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz kalmış yaprak dokularında, Novel miRNA16009' nın miRNom ve hedef genlerin qRT-PZR ile belirlenmiş ifade seviyeleri

Son olarak, Novel miRNA16009 ve her üç hedef geni, tüm buğday çeşitlerinin kök örneklerinde de hem miRNA dizileme hem de qRT-PZR ile analiz edilmiş, ancak ifade seviyeleri belirlenememiştir. miRNA'nın ve hedef genlerinin kök dukularında çok düşük seviyelerde ifade ediliyor olma ihtimali bunun nedeni olabilir.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bitkiler durağan organizmalardır, bir başka ifadeyle habitatlarına bağlıdırlar ve yer değiştiremezler. Bu nedenle yaşamları boyunca kendileri için elverişsiz olan koşullara gereğinden fazla miktarda maruz kalmaktadırlar. Bu olumsuz koşullar; otçullar (herbivorlar), patojenler (mantar, bakteri, nematod, vb.) ve tür içi/türler arası rekabet gibi biyotik faktörlerden veya düşük/yüksek sıcaklık, yüksek tuzluluk, ağır metaller, ultraviyole radyasyon, mekanik etkiler ve kuraklık gibi abiyotik faktörlerden kaynaklanabilir ve bitkiler için en büyük dezavantajlardan biridir. Abiyotik stresin nedeni olan bütün faktörler, aynı zamanda bitkilerin yaşamlarını sürdürebilmek için ihtiyaç duydukları etkenlerdir. Habitatlarında ideal miktarlarda bulunması, hayatta kalabilmeleri için elzem olan bu faktörler, aşırı az veya aşırı çok olmaları durumunda, yaşamlarını ve gelişimlerini sürdürmelerine engel olmaktadırlar. Bitkilerin yaşam alanlarında bu faktörlerin hepsini birden, ihtiyaçları olan en uygun miktarda bulmaları imkânsızdır. Bu nedenle, yaşamlarını devam ettirebilmeleri için, bu elverişsiz koşullarla baş etmek zorundadırlar.

Bitkiler milyonlarca yıllık evrim süreçleri boyunca, kendilerini abiyotik stres faktörlerinin ölümcül etkisinden korumak için farklı stratejiler geliştirmiştirler. Abiyotik stres faktörlerinden kritik önemde olanlardan biri ki muhtemelen en önemlisi su'dur. Dünya üzerinde yer alan bütün yaşam formlarında olduğu gibi bitkilerde de su yaşamsal moleküldür. Tarımın yağmura bağlı olduğu Anadolu gibi bölgelerde yağışsızlık, mahsul verimini kısıtlamaktadır. Buğday Anadolu'da insanlığın tarımı keşfettiği ilk günden bu yana binlerce yıldır ekilmektedir. Bu nedenle, antik ve modern buğdayın kalıtsal genetik arka planı üzerinde kuraklık stres tepkisini incelemek için bize açık bir laboratuvar deneyi sunuyor. Son yıllarda, miRNA'ların farklı abiyotik stres koşulları altında bitki büyüme ve gelişmesinde rol oynadıklarının ortaya çıkarılması, araştırmacıların dikkatini miRNA'lar üzerine çekmektedir. Ancak, bunların çoğunun kesin işlevleri yeterince bilinmediğinden dolayı miRNA üzerindeki çalışmalar devem etmektedir.

Tez çalışması kapsamında Siyez, Yüreğir-89 ve Kızıltan-91' e ait kontrol ve kuraklık stresine maruz yaprak ve kök dokuları kullanılarak oluşturulan 12 adet miRNA kütüphanesi ile hedef genlerin tespiti için oluşturulan 6 adet degradom kütüphanesinin derinleme dizilemesi ve *in silico* analizleri gerçekleştirilmiştir. Tez çalışması 5 ana basamak altında gruplanan analizler yapılarak tamamlanmıştır.

İlk basamakta, bitkiler yetiştirilmiş ve stres uygulaması yapılmıştır. İlk olarak, farklı ploidi seviyeleri ve buğday türlerine ait Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91 çeşitlerinin tohumları, sera koşullarında çimlendirilmiş, büyütülmüş ve son olarak kuraklık stresine maruz bırakımıştır. Kuraklık stresi uygulamasının sonunda, bitkiler solma noktasına geldikleri zaman kök ve yaprak doku örnekleri toplanmıştır ve daha sonra RNA izolasyonunda kullanılmak üzere -80°C'de saklanmıştır.

İkinci basamakta, küçük RNA'larca zengin total RNA izolasyonu, RNA karekterizasyonu ve cDNA sentezi gerçekleştirilmiştir. Bu aşamada ilk olarak, dizileme ve qRT-PZR deneylerinde kullanılmak üzere bütün örneklerden (kontrol ve kuraklık uygulanmış 3 buğday çeşitine ait kök ve yaprak dokuları) miRNA ve total RNA izole edilmiştir. Daha sonra izole edilen RNA'ların, saflık, miktar ve kalite tayinleri gerçekleştirilmiştir. RNA'ların kalitesini belirlemek üzere hem agaroz jel elektroforezi hem de biyoanalizör kullanılmış ve RNA örneklerinin dizileme için uygun oldukları belirlenmiştir. Son olarak ise, miRNA ve mRNA'lardan cDNA sentezi gerçekleştirilmiştir.

Üçüncü basamakta, miRNA ve degradom kütüphanelerinin yeni nesil dizileme (NGS) ile analizleri yapılmıştır. İzole edilen miRNA ve total RNA örnekleri, BGI (Beijing Genomics Institute, Çin) şirketine gönderilmiş, miRNA ve degradom dizilemeleri adı geçen firmadan hizmet alımı olarak yaptırılmıştır. BGI tarafından analizlerin her aşamasında kalite kontrolleri takip edilmiş ve firmayla süreç boyunca irtibatta kalınarak güvenilir ve yüksek kalitede veriler elde edilmiştir.

Dördüncü basamakta, dizileme sonucunda elde edilen ham veriler biyoinformatik araçlar yardımıyla analiz edilmiş, miRNA'ların tanımlamaları yapılmış ve miRNA hedef genleri belirlenmiştir. Bu analizler 3 başlık altında takip edilmiştir: (1) miRNA'

ların belirlemesi ve ifade seviyelerinin incelenmesi, (2) miRNA hedef genlerin biyoinformatik ve degradom analizleri ile belirlenmesi ve (3) yeni miRNA'ların tespiti ve ifade seviyelerinin incelenmesidir. İlk olarak, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91' in kök ve yaprak örneklerinde tüm miRNA'lar belirlenerek ifade seviyesi artan ve azalan miRNA'ların ısı haritaları hazırlanmıştır. Ayrıca, Yüreğir-89, Siyez ve Kızıltan-91'de ortak olarak ifade edilen miRNA'lar da hem yaprak hem de kök dokusu için tespit edilmiş ve ifade seviyelerindeki benzerlik ve farklılıklar ısı haritalarında gösterilmiştir. Bunlara ek olarak, tespit edilen tüm miRNA'ların hedef genleri hem biyoinformatik araçlar hem de degradom analizleri yardımı ile tespit edilmiştir. Belirlenen hedef genlerin GO yani gen annotasyon analizleri ve MapMan yolak analizleri yapılarak hedef genlerin fonksiyonları hakkında bilgi edinilmiştir. Son olarak, Yüreğir-89' a, Siyez' e ve Kızıltan-91' e ait yaprak ve kök dokularından elde edilen kütüphanelerinde yeni (novel) miRNA' lar tespit edilmiş ve bunların ifade profilleri çıkarılarak ısı haritalarında gösterilmiştir.

Beşinci ve son basamakta ise, miRNA dizilemesi sonucu ifade seviyelerindeki değişimler baz alınarak seçilen miRNA'ların ve bu miRNA'ların hedef genleri arasından belirlenen 3 tanesinin, kantitatif Real time PCR ile gen ifade analizleri ve doğrulamaları yapılmıştır. Böylece miRNA ve onun hedef genleri arasında ilişkiler belirlenerek, farklı ploideye ve farklı kuraklık toleranslarına sahip Türk buğday çeşitlerinde miRNA' ların kuraklık stresi ile ilişkileri gösterilmiştir.

Sonuç olarak bu çalışma ile B (*Triticum monococcum*), AB (*T. turgidum* ssp. durum) ve ABD (*Triticum aestivum*) genomlarına sahip farklı buğday türlerinde, kuraklık stresi uygulamasından sonra yaprak ve kök dokularında miRNA' ların ve hedef genlerin ifade seviyesindeki farklılıklar incelenmiştir. miRNA' ların ve onların kontrol ettikleri hedef genlerin kuraklık streslerine verdiği değişik cevaplar genotipik bir varyasyonun sonucu olduğu bu çalışma ile ortaya çıkarılmıştır. Ayrıca, buğdayın modern kültürleri olan Kızıltan-91 (*T. turgidum ssp.durum*) ve Yüreğir-89 (*Triticum aestivum*) buğday çeşitlerinin, buğdayın atası olarak bilinen Siyez' e (*Triticum monococcum*) oranla kuraklık stresine daha dayanıklı olduğu önceki çalışmalarımızda (Baloglu vd., 2014) gösterdiğimiz gibi bu çalışmada gösterilmiştir. Farklı ifade seviyesine sahip olan bu miRNA' ların ve hedef genlerinin, kuraklık stres tolerans

mekanizmasındaki rolleri bir ölçüde belirlenmiş olsa da gelecekteki çalışmalar için bu miRNA' ların aşırı ifadesi ve susturulması ile bunların kuraklık stresi ile ilgili fonksiyonları belirlenebilir

Poliploidi, bireylerde ikiden fazla tam kromozom setinin varlığını tanımlamaktadır. Poliploidinin, genetik, epigenetik, transkripsiyonel ve metabolik ağ seviyelerinde çeşitli değişikliklere neden olduğu rapor edilmiştir (Lavania, vd., 2012). Bununla birlikte, poliploidinin stres koşullarına karşı toleransta avantaj sağladığını gösteren çalışmalar da bulunmaktadır. Örneğin, tetraploid turp (Meng vd., 2011), narenciye (Saleh vd., 2008) ve Beyaz çiçekli yalancı akasya (*Robinia pseudoacacia*) (Wang vd., 2013)'nın diploid atalarına göre tuz stresine karşı daha dayanıklı olduğu bildirilmiştir. Ayrıca, tetraploid kolza (Xu vd., 2009) ve hint krizanteminin (Liu vd., 2011) tuz ve kuraklığa karşı daha toleranslı oldukları gösterilmiştir. Ancak, poliploidinin stres toleransında sağladığı bu avantajların altında yatan biyolojik süreçler açığa çıkarılamamıştır. 2021 yılında 5 farklı bitki türünün, yayınlanmış RNASeq verileri kullanılarak yapılan bir çalışma ise, mikroRNA'ların bu mekanizmada rol oynadığını göstermiştir (Esposito vd., 2021). Bu çalışmada, DNA metabolizması, sekonder metabolizma ve stres toleransında rol oynayan bazı genleri hedefleyen pre-miRNA'ların ifadelerinde tetraploid ve diploid bireyler arasında farklılıklar saptanmıştır (Esposito vd., 2021). Tez çalışmasından elde edilen sonuçlarda, tetraploid ve hekzaploid buğday türlerinin diploid olan Siyez'e göre kuraklığa daha yüksek toleransa sahip olduklarını göstermektedir. Biyoinformatik analizler sonucunda, çalışmamıza konu türler arasında miRNA ifade seviyelerinde farklılıklar tespit edilmiştir. Bu bakımdan poliploidinin kuraklık tolerasında avantaj sağladığı söylenebilir. Ancak, bu hipotezin doğrulanması için ileri çalışmalara ihtiyaç vardır.

KAYNAKLAR

Abe, H., Yamaguchi-Shinozaki, K., Urao, T., Iwasaki, T., Hosokawa, D., & Shinozaki, K. (1997). Role of arabidopsis MYC and MYB homologs in drought- and abscisic acid-regulated gene expression. *The Plant Cell*, *9*(10), 1859–1868. https://doi.org/10.1105/TPC.9.10.1859

Abe, H., Urao, T., Ito, T., Seki, M., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2003). Arabidopsis AtMYC2 (bHLH) and AtMYB2 (MYB) Function as Transcriptional Activators in Abscisic Acid Signaling. *The Plant Cell*, *15*(1), 63–78. https://doi.org/10.1105/TPC.006130

Addo-Quaye, C., Miller, W., & Axtell, M. J. (2009). CleaveLand: a pipeline for using degradome data to find cleaved small RNA targets. *Bioinformatics*, *25*(1), 130–131. https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTN604

Agarwal, P., Baranwal, V. K., & Khurana, P. (2019). Genome-wide Analysis of bZIP Transcription Factors in wheat and Functional Characterization of a TabZIP under Abiotic Stress. *Scientific Reports 2019 9:1*, *9*(1), 1–18. https://doi.org/10.1038/s41598-019-40659-7

Akan, H., Korkut, M. M., & Balos, M. M. (2008). Arat Dağı ve Çevresinde (Birecik, Şanlıurfa) Etnobotanik Bir Araştırma. *Fırat Üniversitesi Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*, *20*(1), 67–81.

Akdogan, G., Tufekci, E. D., Uranbey, S., & Unver, T. (2016). miRNA-based drought regulation in wheat. *Functional ve Integrative Genomics*, *16*(3), 221–233. https://doi.org/10.1007/s10142-015-0452-1

Allen, E., Xie, Z., Gustafson, A. M., Sung, G. H., Spatafora, J. W., & Carrington, J. C. (2004). Evolution of microRNA genes by inverted duplication of target gene sequences in Arabidopsis thaliana. *Nature Genetics*, *36*(12), 1282–1290. https://doi.org/10.1038/NG1478

Alptekin, B., Langridge, P., & Budak, H. (2017). Abiotic stress miRNomes in the Triticeae. *Functional ve Integrative Genomics*, *17*(2), 145. https://doi.org/10.1007/S10142-016-0525-9

Alwine, J. C., Kemp, D. J., & Stark, G. R. (1977). Method for detection of specific RNAs in agarose gels by transfer to diazobenzyloxymethyl-paper and hybridization with DNA probes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *74*(12), 5350. https://doi.org/10.1073/PNAS.74.12.5350

Andersen, C. L., Jensen, J. L., & Ørntoft, T. F. (2004). Normalization of real-time quantitative reverse transcription-PCR data: a model-based variance estimation approach to identify genes suited for normalization, applied to bladder and colon cancer data sets. *Cancer Research*, *64*(15), 5245–5250. https://doi.org/10.1158/0008-5472.CAN-04-0496

Apel, K., & Hirt, H. (2004). Reactive oxygen species: metabolism, oxidative stress, and signal transduction. *Annual Review of Plant Biology*, *55*, 373–399. https://doi.org/10.1146/ANNUREV.ARPLANT.55.031903.141701

Appels, R., Eversole, K., Feuillet, C., Keller, B., Rogers, J., Stein, N., Pozniak, C. J., Choulet, F., Distelfeld, A., Poland, J., Ronen, G., Barad, O., Baruch, K., Keeble-Gagnère, G., Mascher, M., Ben-Zvi, G., Josselin, A. A., Himmelbach, A., Balfourier, F., ... Wang, L. (2018). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*, *361*(6403). https://doi.org/10.1126/science.aar7191

Arenas-Huertero, C., Pérez, B., Rabanal, F., Blanco-Melo, D., de La Rosa, C., Estrada-Navarrete, G., Sanchez, F., Covarrubias, A. A., & Reyes, J. L. (2009). Conserved and novel miRNAs in the legume Phaseolus vulgaris in response to stress. *Plant Molecular Biology*, *70*(4), 385–401. https://doi.org/10.1007/S11103-009-9480-3

Arshad, M., Feyissa, B. A., Amyot, L., Aung, B., & Hannoufa, A. (2017). MicroRNA156 improves drought stress tolerance in alfalfa (Medicago sativa) by silencing SPL13. *Plant Science*, *258*, 122–136. https://doi.org/10.1016/J.PLANTSCI.2017.01.018

Asrar, A. W. A., & Elhindi, K. M. (2011). Alleviation of drought stress of marigold (Tagetes erecta) plants by using arbuscular mycorrhizal fungi. *Saudi Journal of Biological Sciences*, *18*(1), 93–98. https://doi.org/10.1016/J.SJBS.2010.06.007

Aukerman, M. J., & Sakai, H. (2003). Regulation of flowering time and floral organ identity by a MicroRNA and its APETALA2-like target genes. *The Plant Cell*, *15*(11), 2730–2741. https://doi.org/10.1105/TPC.016238

Aung, B., Gruber, M. Y., Amyot, L., Omari, K., Bertrand, A., & Hannoufa, A. (2015a). MicroRNA156 as a promising tool for alfalfa improvement. *Plant Biotechnology Journal*, *13*(6), 779–790. https://doi.org/10.1111/PBI.12308

Aung, B., Gruber, M. Y., Amyot, L., Omari, K., Bertrand, A., & Hannoufa, A. (2015b). Ectopic expression of LjmiR156 delays flowering, enhances shoot branching, and improves forage quality in alfalfa. *Plant Biotechnology Reports*, *9*(6), 379–393. https://doi.org/10.1007/S11816-015-0375-2/TABLES/3

Badawi, G. H., Yamauchi, Y., Shimada, E., Sasaki, R., Kawano, N., Tanaka, K., & Tanaka, K. (2004). Enhanced tolerance to salt stress and water deficit by overexpressing superoxide dismutase in tobacco (Nicotiana tabacum) chloroplasts. *Plant Science*, *166*(4), 919–928. https://doi.org/10.1016/J.PLANTSCI.2003.12.007

Baldoni, E., Genga, A., & Cominelli, E. (2015). Plant MYB Transcription Factors: Their Role in Drought Response Mechanisms. *International Journal of Molecular Sciences*, *16*(7), 15811–15851. https://doi.org/10.3390/IJMS160715811

Baloğlu, M. C. (2011). Expression Analysis of NAC Type Transcription Factors on Wheat Seedlings Under Abiotic Stress Conditions. Doktora Tezi, *Orta Doğu Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*. Ankara.

Baloğlu, M. C., Oz, M. T., Öktem, H. A., & Yücel, M. (2012). Expression Analysis of TaNAC69-1 and TtNAMB-2, Wheat NAC Family Transcription Factor Genes Under Abiotic Stress Conditions in Durum Wheat (*Triticum turgidum*). *Plant Molecular Biology Reporter*, *30*, 1246–1252. https://doi.org/10.1007/s11105-012-0445-3

Baloglu, M. C., Inal, B., Kavas, M., & Unver, T. (2014). Diverse expression pattern of wheat transcription factors against abiotic stresses in wheat species. *Gene*, *550*(1), 117–122. https://doi.org/10.1016/J.GENE.2014.08.025

Baltimore, D. (1970). Viral RNA-dependent DNA Polymerase: RNA-dependent DNA Polymerase in Virions of RNA Tumour Viruses. *Nature 1970 226:5252*, *226*(5252), 1209–1211. https://doi.org/10.1038/2261209a0

Bargmann, B. O. R., Laxalt, A. M., Riet, B. ter, van Schooten, B., Merquiol, E., Testerink, C., Haring, M. A., Bartels, D., & Munnik, T. (2009). Multiple PLDs required for high salinity and water deficit tolerance in plants. *Plant ve Cell Physiology*, *50*(1), 78–89. https://doi.org/10.1093/PCP/PCN173

Barrera-Figueroa, B. E., Gao, L., Diop, N. N., Wu, Z., Ehlers, J. D., Roberts, P. A., Close, T. J., Zhu, J. K., & Liu, R. (2011). Identification and comparative analysis of drought-associated microRNAs in two cowpea genotypes. *BMC Plant Biology*, *11*. https://doi.org/10.1186/1471-2229-11-127

Beadle, G. W., & Tatum, E. L. (1941). Genetic Control of Biochemical Reactions in Neurospora. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *27*(11), 499–506. https://doi.org/10.1073/PNAS.27.11.499

Bonet, M. À., & Vallès, J. (2007). Ethnobotany of Montseny biosphere reserve (Catalonia, Iberian Peninsula): plants used in veterinary medicine. *Journal of Ethnopharmacology*, *110*(1), 130–147. https://doi.org/10.1016/J.JEP.2006.09.016

Boss, W. F., Lynch, D. v., & Wang, X. (2008). Lipid-Mediated Signaling. In Z. Yang (Ed.), *Intracellular Signaling in Plants* (Vol. 33, pp. 202–243). Wiley-Blackwell. https://doi.org/10.1111/b.9781405160025.2008.00008.x

Bowman, J. L., Smyth, D. R., & Meyerowitz, E. M. (1991). Genetic interactions among floral homeotic genes of Arabidopsis. *Development (Cambridge, England)*, *112*(1), 1–20. https://doi.org/10.1242/DEV.112.1.1

Budak, H., & Akpinar, A. (2011). Dehydration Stress-Responsive miRNA in *Brachypodium distachyon* : Evident by Genome-Wide Screening of microRNAs Expression. *OMICS: A Journal of Integrative Biology*. https://doi.org/10.1089/omi.2011.0073

Budak, H., Kantar, M., Bulut, R., & Akpinar, B. A. (2015a). Stress responsive miRNAs and isomiRs in cereals. *Plant Science : An International Journal of Experimental Plant Biology*, *235*, 1–13. https://doi.org/10.1016/J.PLANTSCI.2015.02.008

Budak, H., Khan, Z., & Kantar, M. (2015b). History and current status of wheat miRNAs using next-generation sequencing and their roles in development and stress. *Briefings in Functional Genomics*, *14*(3), 189–198. https://doi.org/10.1093/BFGP/ELU021

Cai, H., Tian, S., Dong, H., & Guo, C. (2015). Pleiotropic effects of TaMYB3R1 on plant development and response to osmotic stress in transgenic Arabidopsis. *Gene*, *558*(2), 227–234. https://doi.org/10.1016/J.GENE.2014.12.066

Candar-Cakir, B., Arican, E., & Zhang, B. (2016). Small RNA and degradome deep sequencing reveals drought-and tissue-specific micrornas and their important roles in drought-sensitive and drought-tolerant tomato genotypes. *Plant Biotechnology Journal*, *14*(8), 1727–1746. https://doi.org/10.1111/PBI.12533

Cao, X. Y., Chen, M., Xu, Z. S., Chen, Y. F., Li, L. C., Yu, Y. H., Liu, Y. N., & Ma, Y. Z. (2012). Isolation and Functional Analysis of the bZIP Transcription Factor Gene TaABP1 from a Chinese Wheat Landrace. *Journal of Integrative Agriculture*, *11*(10), 1580–1591. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(12)60161-0

Cardon, G., Höhmann, S., Klein, J., Nettesheim, K., Saedler, H., & Huijser, P. (1999). Molecular characterisation of the Arabidopsis SBP-box genes. *Gene*, *237*(1), 91–104. https://doi.org/10.1016/S0378-1119(99)00308-X

Catala, R., Ouyang, J., Abreu, I. A., Hu, Y., Seo, H., Zhang, X., & Chua, N. H. (2007). The Arabidopsis E3 SUMO Ligase SIZ1 Regulates Plant Growth and Drought Responses. *The Plant Cell*, *19*(9), 2952–2966. https://doi.org/10.1105/TPC.106.049981

Chantret, N., Salse, J., Sabot, F., Rahman, S., Bellec, A., Laubin, B., Dubois, I., Dossat, C., Sourdille, P., Joudrier, P., Gautier, M. F., Cattolico, L., Beckert, M., Aubourg, S., Weissenbach, J., Caboche, M., Bernard, M., Leroy, P., & Chalhoub, B. (2005). Molecular Basis of Evolutionary Events That Shaped the Hardness Locus in Diploid and Polyploid Wheat Species (Triticum and Aegilops). *The Plant Cell*, *17*(4), 1033. https://doi.org/10.1105/TPC.104.029181

Chaves, M. M., Maroco, J. P., & Pereira, J. S. (2003). Understanding plant responses to drought - from genes to the whole plant. *Functional Plant Biology : FPB*, *30*(3), 239–264. https://doi.org/10.1071/FP02076

Chaves, M. M., & Oliveira, M. M. (2004). Mechanisms underlying plant resilience to water deficits: prospects for water-saving agriculture. *Journal of Experimental Botany*, *55*(407), 2365–2384. https://doi.org/10.1093/JXB/ERH269

Cheah, B. H., Nadarajah, K., Divate, M. D., & Wickneswari, R. (2015). Identification of four functionally important microRNA families with contrasting differential expression profiles between drought-tolerant and susceptible rice leaf at vegetative stage. *BMC Genomics*, *16*(1). https://doi.org/10.1186/S12864-015-1851-3

Chen, C., Li, J., Feng, J., Liu, B., Feng, L., Yu, X., Li, G., Zhai, J., Meyers, B. C., & Xia, R. (2021). sRNAanno—a database repository of uniformly annotated small RNAs in plants. *Horticulture Research*, *8*(1), 45. https://doi.org/10.1038/s41438-021-00480-8

Chen, X. (2004). A microRNA as a translational repressor of APETALA2 in Arabidopsis flower development. *Science (New York, N.Y.)*, *303*(5666), 2022–2025. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1088060

Cheuk, A., & Houde, M. (2016). Genome wide identification of C1-2i zinc finger proteins and their response to abiotic stress in hexaploid wheat. *Molecular Genetics and Genomics*, *291*(2), 73–90. https://doi.org/10.1007/S00438-015-1152-1/FIGURES/6

Chuck, G., Meeley, R., Irish, E., Sakai, H., & Hake, S. (2007). The maize tasselseed4 microRNA controls sex determination and meristem cell fate by targeting Tasselseed6/indeterminate spikelet1. *Nature Genetics 2007 39:12*, *39*(12), 1517–1521. https://doi.org/10.1038/ng.2007.20

Conesa, A., Götz, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., & Robles, M. (2005). Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, *21*(18), 3674–3676. https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTI610

Cutler, S. R., Rodriguez, P. L., Finkelstein, R. R., & Abrams, S. R. (2010). Abscisic acid: emergence of a core signaling network. *Annual Review of Plant Biology*, *61*, 651–679. https://doi.org/10.1146/ANNUREV-ARPLANT-042809-112122

de Ronde, J. A., Laurie, R. N., Caetano, T., Greyling, M. M., & Kerepesi, I. (2004). Comparative study between transgenic and non-transgenic soybean lines proved transgenic lines to be more drought tolerant. *Euphytica 2004 138:2*, *138*(2), 123–132. https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000046806.68554.5B

Ding, W., Fang, W., Shi, S., Zhao, Y., Li, X., & Xiao, K. (2016). Wheat WRKY Type Transcription Factor Gene TaWRKY1 is Essential in Mediating Drought Tolerance Associated with an ABA-Dependent Pathway. *Plant Molecular Biology Reporter*, *34*(6), 1111–1126. https://doi.org/10.1007/S11105-016-0991-1/FIGURES/10

Drews, G. N., Bowman, J. L., & Meyerowitz, E. M. (1991). Negative regulation of the Arabidopsis homeotic gene AGAMOUS by the APETALA2 product. *Cell*, *65*(6), 991–1002. https://doi.org/10.1016/0092-8674(91)90551-9

Dryanova, A., Zakharov, A., & Gulick, P. J. (2008). Data mining for miRNAs and their targets in the Triticeae. *Genome*, *51*(6), 433–443. https://doi.org/10.1139/G08-025/SUPPL_FILE/G08-025C.XLS

Du, S. Y., Zhang, X. F., Lu, Z., Xin, Q., Wu, Z., Jiang, T., Lu, Y., Wang, X. F., & Zhang, D. P. (2012). Roles of the different components of magnesium chelatase in abscisic acid signal transduction. *Plant Molecular Biology*, *80*(4–5), 519–537. https://doi.org/10.1007/S11103-012-9965-3

Duan, H., Lu, X., Lian, C., An, Y., Xia, X., & Yin, W. (2016). Genome-wide analysis of microRNA responses to the phytohormone abscisic acid in Populus euphratica. *Frontiers in Plant Science*, *7*(AUG2016), 1184. https://doi.org/10.3389/FPLS.2016.01184/BIBTEX

Dubos, C., Stracke, R., Grotewold, E., Weisshaar, B., Martin, C., & Lepiniec, L. (2010). MYB transcription factors in Arabidopsis. *Trends in Plant Science*, *15*(10), 573–581. https://doi.org/10.1016/J.TPLANTS.2010.06.005

Eltayeb, A. E., Kawano, N., Badawi, G. H., Kaminaka, H., Sanekata, T., Shibahara, T., Inanaga, S., & Tanaka, K. (2007). Overexpression of monodehydroascorbate reductase in transgenic tobacco confers enhanced tolerance to ozone, salt and polyethylene glycol stresses. *Planta*, *225*(5), 1255–1264. https://doi.org/10.1007/S00425-006-0417-7

Eroglu, A., Baloglu, M. C., & Yucel, M. (2016). Vector construction for transformation of tobacco with a NAC-type transcription factor, TaNAC69-1. Journal of Biotechnology, 231, 65–66. https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2016.05.243

Ertuğ, F. (2000). An ethnobotanical study in Central Anatolia (Turkey). *Economic Botany 2000 54:2*, *54*(2), 155–182. https://doi.org/10.1007/BF02907820

Fan, G., Li, X., Deng, M., Zhao, Z., & Yang, L. (2016). Comparative Analysis and Identification of miRNAs and Their Target Genes Responsive to Salt Stress in Diploid and Tetraploid Paulownia fortunei Seedlings. *PLOS ONE*, *11*(2), e0149617. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0149617

FAO. (2019). *FAO Cereal Supply and Demand Brief*. FAOSTAT Statistics Database. http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/

FAO. (2020). *Food Balance Sheets*. FAOSTAT Statistics Database. http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/

Fard, E. M., Bakhshi, B., Keshavarznia, R., Nikpay, N., Shahbazi, M., & Salekdeh, G. H. (2017). Drought responsive microRNAs in two barley cultivars differing in their level of sensitivity to drought stress. *Plant Physiology and Biochemistry*, *118*, 121–129. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2017.06.007

Farooq, M., Basra, S. M. A., Wahid, A., Ahmad, N., & Saleem, B. A. (2009a). Improving the drought tolerance in rice (Oryza sativa L.) by exogenous application of salicylic acid. *Journal of Agronomy and Crop Science*, *195*(4), 237–246. https://doi.org/10.1111/J.1439-037X.2009.00365.X

Farooq, M., Wahid, A., Lee, D. J., Ito, O., & Siddique, K. H. M. (2009b). Advances in Drought Resistance of Rice. *Critical Reviews in Plant Science*, *28*(4), 199–217. https://doi.org/10.1080/07352680902952173

Farooq, M., Kobayashi, N., Ito, O., Wahid, A., & Serraj, R. (2010). Broader leaves result in better performance of indica rice under drought stress. *Journal of Plant Physiology*, *167*(13), 1066–1075. https://doi.org/10.1016/J.JPLPH.2010.03.003

Farooq, M., Bramley, H., Palta, J. A., & Siddique, K. H. M. (2011). Heat Stress in Wheat during Reproductive and Grain-Filling Phases. *Https://Doi.Org/10.1080/07352689.2011.615687*, *30*(6), 491–507. https://doi.org/10.1080/07352689.2011.615687

Farooq, M., Hussain, M., Wahid, A., & Siddique, K. H. M. (2012). Drought Stress in Plants: An Overview. *Plant Responses to Drought Stress: From Morphological to Molecular Features*, *9783642326530*, 1–33. https://doi.org/10.1007/978-3-642-32653-0_1

Feldman, M., & Levy, A. A. (2015). Origin and evolution of wheat and related triticeae species. In *Alien Introgression in Wheat: Cytogenetics, Molecular Biology, and Genomics* (pp. 21–76). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-23494-6_2

Feng, H., Zhang, Q., Li, H., Wang, X., Wang, X., Duan, X., Wang, B., & Kang, Z. (2013). vsiRNAs derived from the miRNA-generating sites of pri-tae-miR159a based on the BSMV system play positive roles in the wheat response to Puccinia striiformis f. sp. tritici through the regulation of taMyb3 expression. *Plant Physiology and Biochemistry*, *68*, 90–95. https://doi.org/10.1016/J.PLAPHY.2013.04.008

Ferdous, J., Hussain, S. S., & Shi, B.-J. (2015). Role of microRNAs in plant drought tolerance. *Plant Biotechnology Journal*, *13*(3), 293–305. https://doi.org/10.1111/pbi.12318

Floris, M., Mahgoub, H., Lanet, E., Robaglia, C., & Menand, B. (2009). Post-transcriptional Regulation of Gene Expression in Plants during Abiotic Stress. *International Journal of Molecular Sciences*, *10*(7), 3168. https://doi.org/10.3390/IJMS10073168

Foyer, C. H., & Noctor, G. (2003). Redox sensing and signalling associated with reactive oxygen in chloroplasts, peroxisomes and mitochondria. *Physiologia Plantarum*, *119*(3), 355–364. https://doi.org/10.1034/J.1399-3054.2003.00223.X

Franco-Zorrilla, J. M., López-Vidriero, I., Carrasco, J. L., Godoy, M., Vera, P., & Solano, R. (2014). DNA-binding specificities of plant transcription factors and their potential to define target genes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *111*(6), 2367–2372. https://doi.org/10.1073/PNAS.1316278111

Fujita, M., Fujita, Y., Maruyama, K., Seki, M., Hiratsu, K., Ohme-Takagi, M., Tran, L. S. P., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2004). A dehydration-induced NAC protein, RD26, is involved in a novel ABA-dependent stress-signaling pathway. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *39*(6), 863–876. https://doi.org/10.1111/J.1365-313X.2004.02171.X

Gaut, B. S. (2002). Evolutionary dynamics of grass genomes. *New Phytologist*, *154*(1), 15–28. https://doi.org/10.1046/J.1469-8137.2002.00352.X

Gentile, A., Dias, L. I., Mattos, R. S., Ferreira, T. H., & Menossi, M. (2015). MicroRNAs and drought responses in sugarcane. *Frontiers in Plant Science*, *6*(FEB). https://doi.org/10.3389/FPLS.2015.00058

Ge, Q., Tian, F., Zhou, Y., Zhu, Y., Lu, J., Bai, Y., & Lu, Z. (2014). A universal linker-RT PCR based quantitative method for the detection of circulating miRNAs. *Analytical Methods*, *6*(22), 9101–9107. https://doi.org/10.1039/C4AY01602E

German, M. A., Luo, S., Schroth, G., Meyers, B. C., & Green, P. J. (2009). Construction of Parallel Analysis of RNA Ends (PARE) libraries for the study of cleaved miRNA targets and the RNA degradome. *Nature Protocols*, *4*(3), 356–362. https://doi.org/10.1038/NPROT.2009.8

Giusti, L., Mica, E., Bertolini, E., de Leonardis, A. M., Faccioli, P., Cattivelli, L., & Crosatti, C. (2017). microRNAs differentially modulated in response to heat and drought stress in durum wheat cultivars with contrasting water use efficiency. *Functional and Integrative Genomics*, *17*(2–3), 293–309. https://doi.org/10.1007/s10142-016-0527-7

Golldack, D., Li, C., Mohan, H., & Probst, N. (2014). Tolerance to drought and salt stress in plants: Unraveling the signaling networks. *Frontiers in Plant Science*, *5*(APR), 151. https://doi.org/10.3389/FPLS.2014.00151/BIBTEX

Goncharov, N. P. (2011). Genus Triticum L. taxonomy: The present and the future. *Plant Systematics and Evolution*, *295*(1), 1–11. https://doi.org/10.1007/S00606-011-0480-9

Griffiths-Jones, S., Moxon, S., Marshall, M., Khanna, A., Eddy, S. R., & Bateman, A. (2005). Rfam: annotating non-coding RNAs in complete genomes. *Nucleic Acids Research*, *33*(Database issue). https://doi.org/10.1093/NAR/GKI081

Griffiths-Jones, S., Saini, H. K., van Dongen, S., & Enright, A. J. (2008). miRBase: tools for microRNA genomics. *Nucleic Acids Research*, *36*(suppl_1), D154–D158. https://doi.org/10.1093/NAR/GKM952

Guérin, C., Roche, J., Allard, V., Ravel, C., Mouzeyar, S., & Bouzidi, M. F. (2019). Genome-wide analysis, expansion and expression of the NAC family under drought and heat stresses in bread wheat (T. aestivum L.). *PLOS ONE*, *14*(3), e0213390. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0213390

Guo, Y., Zhao, S., Zhu, C., Chang, X., Yue, C., Wang, Z., Lin, Y., & Lai, Z. (2017). Identification of drought-responsive miRNAs and physiological characterization of tea plant (Camellia sinensis L.) under drought stress. *BMC Plant Biology*, *17*(1). https://doi.org/10.1186/S12870-017-1172-6

Gutierrez, L., Bussell, J. D., Păcurar, D. I., Schwambach, J., Păcurar, M., & Bellini, C. (2009). Phenotypic Plasticity of Adventitious Rooting in Arabidopsis Is Controlled by Complex Regulation of AUXIN RESPONSE FACTOR Transcripts and MicroRNA Abundance. *The Plant Cell*, *21*(10), 3119–3132. https://doi.org/10.1105/TPC.108.064758

Hackenberg, M., Shi, B. J., Gustafson, P., & Langridge, P. (2012). A Transgenic Transcription Factor (TaDREB3) in Barley Affects the Expression of MicroRNAs and Other Small Non-Coding RNAs. *PLOS ONE*, *7*(8), e42030. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0042030

Hackenberg, M., Gustafson, P., Langridge, P., & Shi, B. J. (2015). Differential expression of microRNAs and other small RNAs in barley between water and drought conditions. *Plant Biotechnology Journal*, *13*(1), 2. https://doi.org/10.1111/PBI.12220

Hajyzadeh, M., Turktas, M., Khawar, K. M., & Unver, T. (2015). MiR408 overexpression causes increased drought tolerance in chickpea. *Gene*. https://doi.org/10.1016/j.gene.2014.11.002

Han, Y., Zhang, X., Wang, Y., & Ming, F. (2013). The Suppression of WRKY44 by GIGANTEA-miR172 Pathway Is Involved in Drought Response of Arabidopsis thaliana. *PLOS ONE*, *8*(11), e73541. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0073541

Hao, Y. J., Wei, W., Song, Q. X., Chen, H. W., Zhang, Y. Q., Wang, F., Zou, H. F., Lei, G., Tian, A. G., Zhang, W. K., Ma, B., Zhang, J. S., & Chen, S. Y. (2011). Soybean NAC transcription factors promote abiotic stress tolerance and lateral root formation in transgenic plants. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *68*(2), 302–313. https://doi.org/10.1111/J.1365-313X.2011.04687.X

Harlan, J. R., & Zohary, D. (1966). Distribution of Wild Wheats and Barley. *Science*, *153*(3740), 1074–1080. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.153.3740.1074

Harlan, J. R. (1992). *Crops and Man* (2nd ed.). American Society of Agronomy.

Ha, C. van, Leyva-Gonzalez, M. A., Osakabe, Y., Tran, U. T., Nishiyama, R., Watanabe, Y., Tanaka, M., Seki, M., Yamaguchi, S., Dong, N. van, Yamaguchi-Shinozaki, K., Shinozaki, K., Herrera-Estrella, L., & Tran, L. S. P. (2014). Positive regulatory role of strigolactone in plant responses to drought and salt stress. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *111*(2), 851–856. https://doi.org/10.1073/PNAS.1322135111/SUPPL_FILE/SD09.XLS

He, X., Zheng, W., Cao, F., & Wu, F. (2016). Identification and comparative analysis of the microRNA transcriptome in roots of two contrasting tobacco genotypes in response to cadmium stress. *Scientific Reports 2016 6:1*, *6*(1), 1–14. https://doi.org/10.1038/srep32805

He, Y., Mao, S., Gao, Y., Zhu, L., Wu, D., Cui, Y., Li, J., & Qian, W. (2016). Genome-Wide Identification and Expression Analysis of WRKY Transcription Factors under Multiple Stresses in Brassica napus. *PLOS ONE*, *11*(6), e0157558. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0157558

Hey, S. J., Byrne, E., & Halford, N. G. (2010). The interface between metabolic and stress signalling. *Annals of Botany*, *105*(2), 197. https://doi.org/10.1093/AOB/MCP285

Higuchi, R., Dollinger, G., Sean Walsh, P., & Griffith, R. (1992). Simultaneous amplification and detection of specific DNA sequences. *Bio/Technology (Nature Publishing Company)*, *10*(4), 413–417. https://doi.org/10.1038/NBT0492-413

Hoagland, D. R., & Arnon D. I. (1950). The water-culture method for growing plants without soil. *California Agricultural Experiment Station Circular*, *347*, 1–32.

Höck, J., & Meister, G. (2008). The Argonaute protein family. *Genome Biology*, *9*(2), 1–8. https://doi.org/10.1186/GB-2008-9-2-210/FIGURES/4

Hong, Y., Zhang, W., & Wang, X. (2010). Phospholipase D and phosphatidic acid signalling in plant response to drought and salinity. *Plant, Cell ve Environment*, *33*(4), 627–635. https://doi.org/10.1111/J.1365-3040.2009.02087.X

Huang, J., Sun, S., Xu, D., Lan, H., Sun, H., Wang, Z., Bao, Y., Wang, J., Tang, H., & Zhang, H. (2012). A TFIIIA-type zinc finger protein confers multiple abiotic stress tolerances in

transgenic rice (Oryza sativa L.). *Plant Molecular Biology*, *80*(3), 337–350. https://doi.org/10.1007/S11103-012-9955-5/FIGURES/8

Huang, S., Sirikhachornkit, A., Su, X., Faris, J., Gill, B., Haselkorn, R., & Gornicki, P. (2002). Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the Triticum/Aegilops complex and the evolutionary history of polyploid wheat. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *99*(12), 8133–8138. https://doi.org/10.1073/PNAS.072223799/SUPPL_FILE/HEADER.HTML

Huang, S. Q., Xiang, A. L., Che, L. L., Chen, S., Li, H., Song, J. B., & Yang, Z. M. (2010). A set of miRNAs from Brassica napus in response to sulphate deficiency and cadmium stress. *Plant Biotechnology Journal*, *8*(8), 887–899. https://doi.org/10.1111/J.1467-7652.2010.00517.X

Hu, H., You, J., Fang, Y., Zhu, X., Qi, Z., & Xiong, L. (2008). Characterization of transcription factor gene SNAC2 conferring cold and salt tolerance in rice. *Plant Molecular Biology*, *67*(1–2), 169–181. https://doi.org/10.1007/S11103-008-9309-5

Hu, H., & Xiong, L. (2014). Genetic engineering and breeding of drought-resistant crops. *Annual Review of Plant Biology*, *65*, 715–741. https://doi.org/10.1146/ANNUREV-ARPLANT-050213-040000

Iuchi, S., Kobayashi, M., Taji, T., Naramoto, M., Seki, M., Kato, T., Tabata, S., Kakubari, Y., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2001). Regulation of drought tolerance by gene manipulation of 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in abscisic acid biosynthesis in Arabidopsis. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *27*(4), 325–333. https://doi.org/10.1046/J.1365-313X.2001.01096.X

Jarosz, D. F., & Lindquist, S. (2010). Hsp90 and environmental stress transform the adaptive value of natural genetic variation. *Science (New York, N.Y.)*, *330*(6012), 1820–1824. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1195487

Jia, J., Zhao, S., Kong, X., Li, Y., Zhao, G., He, W., Appels, R., Pfeifer, M., Tao, Y., Zhang, X., Jing, R., Zhang, C., Ma, Y., Gao, L., Gao, C., Spannagl, M., Mayer, K. F. X., Li, D., Pan, S., … Mao, L. (2013). Aegilops tauschii draft genome sequence reveals a gene repertoire for wheat adaptation. *Nature 2013 496:7443*, *496*(7443), 91–95. https://doi.org/10.1038/nature12028

Jiang, J., Chen, Z., Ban, L., Wu, Y., Huang, J., Chu, J., Fang, S., Wang, Z., Gao, H., & Wang, X. (2017). P-HYDROXYPHENYLPYRUVATE DIOXYGENASE from Medicago sativa is involved in vitamin E biosynthesis and abscisic acid-mediated seed germination. *Scientific Reports 2017 7:1*, *7*(1), 1–15. https://doi.org/10.1038/srep40625

Jung, J. H., Seo, Y. H., Pil, J. S., Reyes, J. L., Yun, J., Chua, N. H., & Park, C. M. (2007). The GIGANTEA-Regulated MicroRNA172 Mediates Photoperiodic Flowering Independent of CONSTANS in Arabidopsis. *The Plant Cell*, *19*(9), 2736–2748. https://doi.org/10.1105/TPC.107.054528

Kalvari, I., Nawrocki, E. P., Ontiveros-Palacios, N., Argasinska, J., Lamkiewicz, K., Marz, M., Griffiths-Jones, S., Toffano-Nioche, C., Gautheret, D., Weinberg, Z., Rivas, E., Eddy, S. R., Finn, R. D., Bateman, A., & Petrov, A. I. (2021). Rfam 14: expanded coverage of metagenomic, viral and microRNA families. *Nucleic Acids Research*, *49*(D1), D192–D200. https://doi.org/10.1093/NAR/GKAA1047

Kang, J. Y., Choi, H. I., Im, M. Y., & Soo, Y. K. (2002). Arabidopsis basic leucine zipper proteins that mediate stress-responsive abscisic acid signaling. *The Plant Cell*, *14*(2), 343–357. https://doi.org/10.1105/TPC.010362

Kantar, M., Unver, T., & Budak, H. (2010). Regulation of barley miRNAs upon dehydration stress correlated with target gene expression. *Functional ve Integrative Genomics*, *10*(4), 493–507. https://doi.org/10.1007/s10142-010-0181-4

Kantar, M., Lucas, S. J., & Budak, H. (2011). miRNA expression patterns of Triticum dicoccoides in response to shock drought stress. *Planta*, *233*(3), 471–484. https://doi.org/10.1007/s00425-010-1309-4

Kavas, M., Baloğlu, M. C., Akça, O., Köse, F. S., & Gökçay, D. (2013). Effect of drought stress on oxidative damage and antioxidant enzyme activity in melon seedlings. *Turkish Journal of Biology*, *37*(4), 491–498. https://doi.org/10.3906/BIY-1210-55

Kiani, S. P., Talia, P., Maury, P., Grieu, P., Heinz, R., Perrault, A., Nishinakamasu, V., Hopp, E., Gentzbittel, L., Paniego, N., & Sarrafi, A. (2007). Genetic analysis of plant water status and osmotic adjustment in recombinant inbred lines of sunflower under two water treatments. *Plant Science*, *172*(4), 773–787. https://doi.org/10.1016/J.PLANTSCI.2006.12.007

Kim, J. Y., Lee, H. J., Jung, H. J., Maruyama, K., Suzuki, N., & Kang, H. (2010a). Overexpression of microRNA395c or 395e affects differently the seed germination of Arabidopsis thaliana under stress conditions. *Planta*, *232*(6), 1447–1454. https://doi.org/10.1007/S00425-010-1267-X

Kim, J. Y., Kwak, K. J., Jung, H. J., Lee, H. J., & Kang, H. (2010b). MicroRNA402 affects seed germination of Arabidopsis thaliana under stress conditions via targeting DEMETER-LIKE Protein3 mRNA. *Plant ve Cell Physiology*, *51*(6), 1079–1083. https://doi.org/10.1093/PCP/PCQ072

Kirkham, M. B. (2014). Principles of soil and plant water relations, 2nd Edition. *Principles of Soil and Plant Water Relations, 2nd Edition*, 1–579. https://doi.org/10.1016/C2013-0-12871-1

Kislev, M. E., Nadel, D., & Carmi, I. (1992). Epipalaeolithic (19,000 BP) cereal and fruit diet at Ohalo II, Sea of Galilee, Israel. *Review of Palaeobotany and Palynology*, *73*(1–4), 161–166. https://doi.org/10.1016/0034-6667(92)90054-K

Koçyiğit, M., & Özhatay, N. (2009). The Wild Edible and Miscellaneous Useful Plants in Yalova Province (Northwest Turkey). *Journal of Faculty of Pharmacy of Istanbul University*, *40*(0), 19–29.

Kozomara, A., Birgaoanu, M., & Griffiths-Jones, S. (2018). miRBase: from microRNA sequences to function. *Nucleic Acids Research*, 1–8. https://doi.org/10.1093/nar/gky1141

Kramer, M. F. (2011). Stem-loop RT-qPCR for miRNAs. *Current Protocols in Molecular Biology*, *Chapter 15*(SUPPL. 95). https://doi.org/10.1002/0471142727.mb1510s95

Kulcheski, F. R., de Oliveira, L. F. V., Molina, L. G., Almerão, M. P., Rodrigues, F. A., Marcolino, J., Barbosa, J. F., Stolf-Moreira, R., Nepomuceno, A. L., Marcelino-Guimarães, F. C., Abdelnoor, R. v., Nascimento, L. C., Carazzolle, M. F., Pereira, G. A. G., & Margis, R. (2011). Identification of novel soybean microRNAs involved in abiotic and biotic stresses. *BMC Genomics*, *12*(1), 1–17. https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-307/FIGURES/2

Kumar, M., Lee, S. C., Kim, J. Y., Kim, S. J., Aye, S. S., & Kim, S. R. (2014). Over-expression of dehydrin gene, OsDhn1, improves drought and salt stress tolerance through scavenging of reactive oxygen species in rice (Oryza sativa L.). *Journal of Plant Biology 2014 57:6*, *57*(6), 383–393. https://doi.org/10.1007/S12374-014-0487-1

Kumar, P., Johnston, B. H., & Kazakov, S. A. (2011). miR-ID: a novel, circularization-based platform for detection of microRNAs. *RNA (New York, N.Y.)*, *17*(2), 365–380. https://doi.org/10.1261/RNA.2490111

Kültür, Ş. (2007). Medicinal plants used in Kirklareli Province (Turkey). *Journal of Ethnopharmacology*, *111*(2), 341–364. https://doi.org/10.1016/J.JEP.2006.11.035

Ladizinsky, G. (1998). Plant Evolution under Domestication. *Plant Evolution under Domestication*. https://doi.org/10.1007/978-94-011-4429-2

Lambers, H., Chapin, F. S., & Pons, T. L. (2008). Plant physiological ecology: Second edition. *Plant Physiological Ecology: Second Edition*, 1–604. https://doi.org/10.1007/978-0-387-78341-3

Latini, A., Rasi, C., Sperandei, M., Cantale, C., Iannetta, M., Dettori, M., Ammar, K., & Galeffi, P. (2007). Identification of a DREB-related gene in Triticum durum and its expression under water stress conditions. *Annals of Applied Biology*, *150*(2), 187–195. https://doi.org/10.1111/J.1744-7348.2007.00128.X

Lee, R. C., Feinbaum, R. L., & Ambrost, V. (1993). The C. elegans Heterochronic Gene lin-4 Encodes Small RNAs with Antisense Complementarity to veII-14. *Cell*, *75*, 843–854.

Levitt, J. (1980). *Responses of plants to environmental stresses, vol 1 Chilling, freezing, and high temperature stresses* (J. Levitt, Ed.; Second Edition). Academic Press.

Lev-Yadun, S., Gopher, A., & Abbo, S. (2000). The Cradle of Agriculture. *Science*, *288*(5471), 1602–1603. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.288.5471.1602

Lewis, M. E., Sherman, T. G., Burke, S., Akil, H., Davis, L. G., Arentzen, R., & Watson, S. J. (1986). Detection of proopiomelanocortin mRNA by in situ hybridization with an oligonucleotide probe. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *83*(15), 5419. https://doi.org/10.1073/PNAS.83.15.5419

Licausi, F., Ohme-Takagi, M., Phytologist, P. P.-N., & 2013, undefined. (2013). APETALA 2/Ethylene Responsive Factor (AP 2/ERF) transcription factors: Mediators of stress responses and developmental programs. *Wiley Online Library*, *199*(3), 639–649. https://doi.org/10.1111/nph.12291

Li, C., Yan, J. M., Li, Y. Z., Zhang, Z. C., Wang, Q. L., & Liang, Y. (2013). Silencing the SpMPK1, SpMPK2, and SpMPK3 Genes in Tomato Reduces Abscisic Acid—Mediated Drought Tolerance. *International Journal of Molecular Sciences 2013, Vol. 14, Pages 21983-21996*, *14*(11), 21983–21996. https://doi.org/10.3390/IJMS141121983

Li, H., Dong, Y., Yin, H., Wang, N., Yang, J., Liu, X., Wang, Y., Wu, J., & Li, X. (2011). Characterization of the stress associated microRNAs in Glycine max by deep sequencing. *BMC Plant Biology*, *11*(1), 170. https://doi.org/10.1186/1471-2229-11-170

Li, J. S., Fu, F.L., An, M., Zhou, S. F., She, Y. H., & Li, W. C. (2013). Differential Expression of MicroRNAs in Response to Drought Stress in Maize. *Journal of Integrative Agriculture*, *12*(8), 1414–1422. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(13)60311-1

Li, R., Yu, C., Li, Y., Lam, T. W., Yiu, S. M., Kristiansen, K., & Wang, J. (2009). SOAP2: an improved ultrafast tool for short read alignment. *Bioinformatics (Oxford, England)*, *25*(15), 1966–1967. https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTP336

Li, S. B., Xie, Z. Z., Hu, C. G., & Zhang, J. Z. (2016). A review of auxin response factors (ARFs) in plants. *Frontiers in Plant Science*, *7*(FEB2016), 47. https://doi.org/10.3389/FPLS.2016.00047/BIBTEX

Li, W. X., Oono, Y., Zhu, J., He, X. J., Wu, J. M., Iida, K., Lu, X. Y., Cui, X., Jin, H., & Zhu, J. K. (2008). The Arabidopsis NFYA5 Transcription Factor Is Regulated Transcriptionally and Posttranscriptionally to Promote Drought Resistance. *The Plant Cell*, *20*(8), 2238. https://doi.org/10.1105/TPC.108.059444

Li, Y., Ye, W., Wang, M., & Yan, X. (2009). Climate change and drought: a risk assessment of crop-yield impacts. *Climate Research*, *39*, 31–46. https://doi.org/10.3354/CR00797

Ligterink, W., & Hirt, H. (2001). Mitogen-activated protein [MAP] kinase pathways in plants: versatile signaling tools. *International Review of Cytology*, *201*, 209–275. https://doi.org/10.1016/S0074-7696(01)01004-X

Ling, H. Q., Wang, J., Zhao, S., Liu, D., Wang, J., Sun, H., Zhang, C., Fan, H., Li, D., Dong, L., Tao, Y., Gao, C., Wu, H., Li, Y., Cui, Y., Guo, X., Zheng, S., Wang, B., Yu, K., … Zhang, A. (2013). Draft genome of the wheat A-genome progenitor Triticum urartu. *Nature 2013 496:7443*, *496*(7443), 87–90. https://doi.org/10.1038/nature11997

Liu, C. G., Calin, G. A., Volinia, S., & Croce, C. M. (2008). MicroRNA expression profiling using microarrays. *Nature Protocols 2008 3:4*, *3*(4), 563–578. https://doi.org/10.1038/nprot.2008.14

Liu, F., Jensen, C. R., & Andersen, M. N. (2004). Drought stress effect on carbohydrate concentration in soybean leaves and pods during early reproductive development: its

implication in altering pod set. *Field Crops Research*, *1*(86), 1–13. https://doi.org/10.1016/S0378-4290(03)00165-5

Liu, H.-H., Tian, X., Li, Y.-J., Wu, C.-A., & Zheng, C.-C. (2008). Microarray-based analysis of stress-regulated microRNAs in Arabidopsis thaliana. *RNA (New York, N.Y.)*, *14*(5), 836–843. https://doi.org/10.1261/rna.895308

Liu, Q., Kasuga, M., Sakuma, Y., Abe, H., Miura, S., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (1998). Two transcription factors, DREB1 and DREB2, with an EREBP/AP2 DNA binding domain separate two cellular signal transduction pathways in drought- and low-temperature-responsive gene expression, respectively, in Arabidopsis. *The Plant Cell*, *10*(8), 1391–1406. https://doi.org/10.1105/TPC.10.8.1391

Liu, Z., Kumari, S., Zhang, L., Zheng, Y., & Ware, D. (2012). Characterization of miRNAs in Response to Short-Term Waterlogging in Three Inbred Lines of Zea mays. *PLOS ONE*, *7*(6), e39786. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0039786

Lu, P. L., Chen, N. Z., An, R., Su, Z., Qi, B. S., Ren, F., Chen, J., & Wang, X. C. (2007). A novel drought-inducible gene, ATAF1, encodes a NAC family protein that negatively regulates the expression of stress-responsive genes in Arabidopsis. *Plant Molecular Biology*, *63*(2), 289–305. https://doi.org/10.1007/S11103-006-9089-8

Lu, S., Bahn, S. C., Qu, G., Qin, H., Hong, Y., Xu, Q., Zhou, Y., Hong, Y., & Wang, X. (2013). Increased expression of phospholipase Dα1 in guard cells decreases water loss with improved seed production under drought in Brassica napus. *Plant Biotechnology Journal*, *11*(3), 380–389. https://doi.org/10.1111/PBI.12028

Lukaszewski, A. J., Alberti, A., Sharpe, A., Kilian, A., Stanca, A. M., Keller, B., Clavijo, B. J., Friebe, B., Gill, B., Wulff, B., Chapman, B., Steuernagel, B., Feuillet, C., Viseux, C., Pozniak, C., Rokhsar, D. S., Klassen, D., Edwards, D., Akhunov, E., … Dubská, Z. (2014). A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (Triticum aestivum) genome. *Science*, *345*(6194). https://doi.org/10.1126/science.1251788

Luo, X., Bai, X., Zhu, D., Li, Y., Ji, W., Cai, H., Wu, J., Liu, B., & Zhu, Y. (2012). GsZFP1, a new Cys2/His2-type zinc-finger protein, is a positive regulator of plant tolerance to cold and drought stress. *Planta*, *235*(6), 1141–1155. https://doi.org/10.1007/S00425-011-1563-0/FIGURES/10

Lv, D., Ge, Y., Jia, B., Bai, X., Bao, P., Cai, H., Ji, W., & Zhu, Y. (2012). miR167c is Induced by High Alkaline Stress and Inhibits Two Auxin Response Factors in Glycine soja. *Journal of Plant Biology*, *55*(5), 373–380. https://doi.org/10.1007/S12374-011-0350-6

Ma, X., Xin, Z., Wang, Z., Yang, Q., Guo, S., Guo, X., Cao, L., & Lin, T. (2015a). Identification and comparative analysis of differentially expressed miRNAs in leaves of two wheat (Triticum aestivum L.) genotypes during dehydration stress. *BMC Plant Biology*, *15*(1), 1–15. https://doi.org/10.1186/s12870-015-0413-9

Ma, X., Xin, Z., Wang, Z., Yang, Q., Guo, S., Guo, X., Cao, L., & Lin, T. (2015b). Identification and comparative analysis of differentially expressed miRNAs in leaves of

two wheat (Triticum aestivum L.) genotypes during dehydration stress. *BMC Plant Biology*, *15*(1), 1–15. https://doi.org/10.1186/S12870-015-0413-9/FIGURES/7

Ma, Y., Szostkiewicz, I., Korte, A., Moes, D., Yang, Y., Christmann, A., & Grill, E. (2009). Regulators of PP2C phosphatase activity function as abscisic acid sensors. *Science (New York, N.Y.)*, *324*(5930), 1064–1068. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1172408

Mao, H., Li, S., Chen, B., Jian, C., Mei, F., Zhang, Y., Li, F., Chen, N., Li, T., Du, L., Ding, L., Wang, Z., Cheng, X., Wang, X., & Kang, Z. (2022). Variation in cis-regulation of a NAC transcription factor contributes to drought tolerance in wheat. *Molecular Plant*, *15*(2), 276–292. https://doi.org/10.1016/J.MOLP.2021.11.007

Mao, X., Zhang, H., Qian, X., Li, A., Zhao, G., & Jing, R. (2012). TaNAC2, a NAC-type wheat transcription factor conferring enhanced multiple abiotic stress tolerances in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany*, *63*(8), 2933–2946. https://doi.org/10.1093/JXB/ERR462

Marc, E. B., Nelly, A., Annick, D. D., & Frederic, D. (2008). Plants used as remedies antirheumatic and antineuralgic in the traditional medicine of Lebanon. *Journal of Ethnopharmacology*, *120*(3), 315–334. https://doi.org/10.1016/J.JEP.2008.08.024

Maslow, A. H. (1943). A theory of human motivation. *Psychological Review*, *50*(4), 370–396. https://doi.org/10.1037/H0054346

Mathieu, J., Yant, L. J., Mürdter, F., Küttner, F., & Schmid, M. (2009). Repression of flowering by the miR172 target SMZ. *PLoS Biology*, *7*(7). https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PBIO.1000148

McWilliams, D. (2003). Drought strategies for cotton. In *NMSU Cooperative Extension Service and Agricultural Experiment Station Publications* (pp. 1–4). New Mexico State University Library.

Miyashita, K., Tanakamaru, S., Maitani, T., & Kimura, K. (2005). Recovery responses of photosynthesis, transpiration, and stomatal conductance in kidney bean following drought stress. *Environmental and Experimental Botany*, *53*(2), 205–214. https://doi.org/10.1016/J.ENVEXPBOT.2004.03.015

Modde, K., Timm, S., Florian, A., Michl, K., Fernie, A. R., & Bauwe, H. (2017). High serine:glyoxylate aminotransferase activity lowers leaf daytime serine levels, inducing the phosphoserine pathway in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany*, *68*(3), 643–656. https://doi.org/10.1093/JXB/ERW467

Mulekar, J. J., & Huq, E. (2014). Expanding roles of protein kinase CK2 in regulating plant growth and development. *Journal of Experimental Botany*, *65*(11), 2883–2893. https://doi.org/10.1093/JXB/ERT401

Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R., Horn, G., & Erlich, H. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, *51 Pt 1*(1), 263–273. https://doi.org/10.1101/SQB.1986.051.01.032

Munnik, T., & Testerink, C. (2009). Plant phospholipid signaling: “in a nutshell.” *Journal of Lipid Research*, *50 Suppl*(Suppl). https://doi.org/10.1194/JLR.R800098-JLR200

Mutum, R. D., Balyan, S. C., Kansal, S., Agarwal, P., Kumar, S., Kumar, M., & Raghuvanshi, S. (2013). Evolution of variety-specific regulatory schema for expression of osa-miR408 in indica rice varieties under drought stress. *The FEBS Journal*, *280*(7), 1717–1730. https://doi.org/10.1111/FEBS.12186

Nakashima, K., Tran, L. S. P., van Nguyen, D., Fujita, M., Maruyama, K., Todaka, D., Ito, Y., Hayashi, N., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2007). Functional analysis of a NAC-type transcription factor OsNAC6 involved in abiotic and biotic stress-responsive gene expression in rice. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *51*(4), 617–630. https://doi.org/10.1111/J.1365-313X.2007.03168.X

Nawrocki, E. P., Burge, S. W., Bateman, A., Daub, J., Eberhardt, R. Y., Eddy, S. R., Floden, E. W., Gardner, P. P., Jones, T. A., Tate, J., & Finn, R. D. (2015). Rfam 12.0: updates to the RNA families database. *Nucleic Acids Research*, *43*(Database issue), D130–D137. https://doi.org/10.1093/NAR/GKU1063

Nguyen, P. D. T., Pike, S., Wang, J., Nepal Poudel, A., Heinz, R., Schultz, J. C., Koo, A. J., Mitchum, M. G., Appel, H. M., & Gassmann, W. (2016). The Arabidopsis immune regulator SRFR1 dampens defences against herbivory by Spodoptera exigua and parasitism by Heterodera schachtii. *Molecular Plant Pathology*, *17*(4), 588–600. https://doi.org/10.1111/MPP.12304/SUPPINFO

Ni, Z., Hu, Z., Jiang, Q., & Zhang, H. (2012). Overexpression of gma-MIR394a confers tolerance to drought in transgenic Arabidopsis thaliana. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *427*(2), 330–335. https://doi.org/10.1016/J.BBRC.2012.09.055

Niu, C., Li, H., Jiang, L., Yan, M., Li, C., Geng, D., Xie, Y., Yan, Y., Shen, X., Chen, P., Dong, J., Ma, F., & Guan, Q. (2019). Genome-wide identification of drought-responsive microRNAs in two sets of Malus from interspecific hybrid progenies. *Horticulture Research*, *6*(1). https://doi.org/10.1038/S41438-019-0157-Z

Nuruzzaman, M., Sharoni, A. M., & Kikuchi, S. (2013). Roles of NAC transcription factors in the regulation of biotic and abiotic stress responses in plants. *Frontiers in Microbiology*, *4*(SEP), 248. https://doi.org/10.3389/FMICB.2013.00248/BIBTEX

Oh, S. J., Kim, Y. S., Kwon, C. W., Park, H. K., Jeong, J. S., & Kim, J. K. (2009). Overexpression of the Transcription Factor AP37 in Rice Improves Grain Yield under Drought Conditions. *Plant Physiology*, *150*(3), 1368–1379. https://doi.org/10.1104/PP.109.137554

Okay, S., Derelli, E., & Unver, T. (2014). Transcriptome-wide identification of bread wheat WRKY transcription factors in response to drought stress. *Molecular Genetics and Genomics : MGG*, *289*(5), 765–781. https://doi.org/10.1007/S00438-014-0849-X/FIGURES/5

Okcu, G., Kaya, M. D., & Atak, M. (2005). Effects of Salt and Drought Stresses on Germination and Seedling Growth of Pea (Pisum sativum L.). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, *29*(4), 237–242.

Osakabe, Y., Yamaguchi-Shinozaki, K., Shinozaki, K., & Tran, L. S. P. (2014). ABA control of plant macroelement membrane transport systems in response to water deficit and high salinity. *New Phytologist*, *202*(1), 35–49. https://doi.org/10.1111/NPH.12613

Öztürk, M., & Dinç, M. (2005). Nizip (Aksaray) bölgesinin etnobotanik özellikleri. *Ot Sistematik Botanik Dergisi*, *12*(1), 93–102.

Palatnik, J. F., Wollmann, H., Schommer, C., Schwab, R., Boisbouvier, J., Rodriguez, R., Warthmann, N., Allen, E., Dezulian, T., Huson, D., Carrington, J. C. C., & Weigel, D. (2007). Sequence and expression differences underlie functional specialization of Arabidopsis microRNAs miR159 and miR319. *Developmental Cell*, *13*(1), 115–125. https://doi.org/10.1016/J.DEVCEL.2007.04.012

Pandey, R., Joshi, G., Bhardwaj, A. R., Agarwal, M., & Katiyar-Agarwal, S. (2014). A comprehensive genome-wide study on tissue-specific and abiotic stress-specific miRNAs in Triticum aestivum. *PLoS ONE*, *9*(4). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095800

Pandey, S., Nelson, D. C., & Assmann, S. M. (2009). Two Novel GPCR-Type G Proteins Are Abscisic Acid Receptors in Arabidopsis. *Cell*, *136*(1), 136–148. https://doi.org/10.1016/J.CELL.2008.12.026

Pardue, M. L., & Gall, J. G. (1969). MOLECULAR HYBRIDIZATION OF RADIOACTIVE DNA TO THE DNA OF CYTOLOGICAL PREPARATIONS. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *64*(2), 600. https://doi.org/10.1073/PNAS.64.2.600

Park, S. Y., Fung, P., Nishimura, N., Jensen, D. R., Fujii, H., Zhao, Y., Lumba, S., Santiago, J., Rodrigues, A., Chow, T. F. F., Alfred, S. E., Bonetta, D., Finkelstein, R., Provart, N. J., Desveaux, D., Rodriguez, P. L., McCourt, P., Zhu, J. K., Schroeder, J. I., … Cutler, S. R. (2009). Abscisic acid inhibits type 2C protein phosphatases via the PYR/PYL family of START proteins. *Science (New York, N.Y.)*, *324*(5930), 1068–1071. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1173041

Pellegrineschi, A., Reynolds, M., Pacheco, M., Brito, R. M., Almeraya, R., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Hoisington, D. (2004). Stress-induced expression in wheat of the Arabidopsis thaliana DREB1A gene delays water stress symptoms under greenhouse conditions. *Genome*, *47*(3), 493–500. https://doi.org/10.1139/G03-140

Perevozchikov, A. P., Kuznetsov, O. K., & Zerov, Y. P. (1970). Viral RNA-dependent DNA Polymerase: RNA-dependent DNA Polymerase in Virions of Rous Sarcoma Virus. *Nature 1970 226:5252*, *226*(5252), 1211–1213. https://doi.org/10.1038/2261211a0

Pfaffl, M. W., Tichopad, A., Prgomet, C., & Neuvians, T. P. (2004). Determination of stable housekeeping genes, differentially regulated target genes and sample integrity:

BestKeeper-Excel-based tool using pair-wise correlations. In *Biotechnology Letters* (Vol. 26). http://www.wzw.tum.de/gene-quantification/bestkeeper.html

Pierre, C. saint, Crossa, J. L., Bonnett, D., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Reynolds, M. P. (2012). Phenotyping transgenic wheat for drought resistance. *Journal of Experimental Botany*, *63*(5), 1799–1808. https://doi.org/10.1093/JXB/ERR385

Qin, Y., Tian, Y., & Liu, X. (2015). A wheat salinity-induced WRKY transcription factor TaWRKY93 confers multiple abiotic stress tolerance in Arabidopsis thaliana. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *464*(2), 428–433. https://doi.org/10.1016/J.BBRC.2015.06.128

Raghavendra, A. S., Gonugunta, V. K., Christmann, A., & Grill, E. (2010). ABA perception and signalling. *Trends in Plant Science*, *15*(7), 395–401. https://doi.org/10.1016/J.TPLANTS.2010.04.006

Ramalingam, P., Palanichamy, J. K., Singh, A., Das, P., Bhagat, M., Kassab, M. A., Sinha, S., & Chattopadhyay, P. (2014). Biogenesis of intronic miRNAs located in clusters by independent transcription and alternative splicing. *RNA (New York, N.Y.)*, *20*(1), 76–87. https://doi.org/10.1261/RNA.041814.113

Reinhart, B. J., Weinstein, E. G., Rhoades, M. W., Bartel, B., & Bartel, D. P. (2002). MicroRNAs in plants. *Genes ve Development*, *16*(13), 1616–1626. https://doi.org/10.1101/GAD.1004402

Reyes, J. L., & Chua, N. H. (2007). ABA induction of miR159 controls transcript levels of two MYB factors during Arabidopsis seed germination. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *49*(4), 592–606. https://doi.org/10.1111/J.1365-313X.2006.02980.X

Riechmann, J. L., Heard, J., Martin, G., Reuber, L., Jiang, C. Z., Keddie, J., Adam, L., Pineda, O., Ratcliffe, O. J., Samaha, R. R., Creelman, R., Pilgrim, M., Broun, P., Zhang, J. Z., Ghandehari, D., Sherman, B. K., & Yu, G. L. (2000). Arabidopsis transcription factors: genome-wide comparative analysis among eukaryotes. *Science (New York, N.Y.)*, *290*(5499), 2105–2110. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.290.5499.2105

Riera, M., Figueras, M., López, C., Goday, A., & Pagès, M. (2004). Protein kinase CK2 modulates developmental functions of the abscisic acid responsive protein Rab17 from maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *101*(26), 9879–9884. https://doi.org/10.1073/PNAS.0306154101/ASSET/053AA246-2205-4B76-B7FF-656C4C839101/ASSETS/GRAPHIC/ZPQ0120443050006.JPEG

Rizhsky, L., Liang, H., & Mittler, R. (2002). The Combined Effect of Drought Stress and Heat Shock on Gene Expression in Tobacco. *Plant Physiology*, *130*(3), 1143–1151. https://doi.org/10.1104/PP.006858

Rodríguez-Gacio, M. del C., Matilla-Vázquez, M. A., & Matilla, A. J. (2009). Seed dormancy and ABA signaling: The breakthrough goes on. *Plant Signaling ve Behavior*, *4*(11), 1035. https://doi.org/10.4161/PSB.4.11.9902

Rong, W., Qi, L., Wang, A., Ye, X., Du, L., Liang, H., Xin, Z., & Zhang, Z. (2014). The ERF transcription factor TaERF3 promotes tolerance to salt and drought stresses in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, *12*(4), 468–479. https://doi.org/10.1111/PBI.12153

Ruelland, E., Kravets, V., Derevyanchuk, M., Martinec, J., Zachowski, A., & Pokotylo, I. (2015). Role of phospholipid signalling in plant environmental responses. *Environmental and Experimental Botany*, *114*, 129–143. https://doi.org/10.1016/J.ENVEXPBOT.2014.08.009

Salamini, F., Özkan, H., Brandolini, A., Schäfer-Pregl, R., & Martin, W. (2002). Genetics and geography of wild cereal domestication in the near east. *Nature Reviews. Genetics*, *3*(6), 429–441. https://doi.org/10.1038/NRG817

Sangster, T. A., & Queitsch, C. (2005). The HSP90 chaperone complex, an emerging force in plant development and phenotypic plasticity. *Current Opinion in Plant Biology*, *8*(1), 86–92. https://doi.org/10.1016/J.PBI.2004.11.012

Schertl, P., Danne, L., & Braun, H. P. (2017). 3-Hydroxyisobutyrate Dehydrogenase Is Involved in Both, Valine and Isoleucine Degradation in Arabidopsis thaliana. *Plant Physiology*, *175*(1), 51–61. https://doi.org/10.1104/PP.17.00649

Schmid, M., Uhlenhaut, N. H., Godard, F., Demar, M., Bressan, R., Weigel, D., & Lohman, J. U. (2003). Dissection of floral induction pathways using global expression analysis. *Development (Cambridge, England)*, *130*(24), 6001–6012. https://doi.org/10.1242/DEV.00842

Seifert, F., Bössow, S., Kumlehn, J., Gnad, H., & Scholten, S. (2016). Analysis of wheat microspore embryogenesis induction by transcriptome and small RNA sequencing using the highly responsive cultivar "Svilena." *BMC Plant Biology*, *16*(1), 1–16. https://doi.org/10.1186/S12870-016-0782-8/TABLES/4

Seki, M., Kamei, A., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2003). Molecular responses to drought, salinity and frost: common and different paths for plant protection. *Current Opinion in Biotechnology*, *14*(2), 194–199. https://doi.org/10.1016/S0958-1669(03)00030-2

Senapati, N., Stratonovitch, P., Paul, M. J., & Semenov, M. A. (2019). Drought tolerance during reproductive development is important for increasing wheat yield potential under climate change in Europe. *Journal of Experimental Botany*, *70*(9), 2549–2560. https://doi.org/10.1093/JXB/ERY226

Shen, Y. G., Zhang, W. K., He, S. J., Zhang, J. S., Liu, Q., & Chen, S. Y. (2003). An EREBP/AP2-type protein in Triticum aestivum was a DRE-binding transcription factor induced by cold, dehydration and ABA stress. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik*, *106*(5), 923–930. https://doi.org/10.1007/S00122-002-1131-X

Shewry, P. R., & Hey, S. J. (2015). The contribution of wheat to human diet and health. *Food and Energy Security*, *4*(3), 178. https://doi.org/10.1002/FES3.64

Shiferaw, B., Smale, M., Braun, H. J., Duveiller, E., Reynolds, M., & Muricho, G. (2013). Crops that feed the world 10. Past successes and future challenges to the role played by wheat in global food security. *Food Security*, *5*(3), 291–317. https://doi.org/10.1007/S12571-013-0263-Y/TABLES/9

Shinozaki, K., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Seki, M. (2003). Regulatory network of gene expression in the drought and cold stress responses. *Current Opinion in Plant Biology*, *6*(5), 410–417. https://doi.org/10.1016/S1369-5266(03)00092-X

Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2007). Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of Experimental Botany*, *58*(2), 221–227. https://doi.org/10.1093/JXB/ERL164

Shi, R., & Chiang, V. L. (2005). Facile means for quantifying microRNA expression by real-time PCR. *BioTechniques*, *39*(4), 519–524. https://doi.org/10.2144/000112010

Siddiqi, S. A., Mahan, J., Siddiqi, S., Gorelick, F. S., & Mansbach, C. M. (2006). Vesicle-associated membrane protein 7 is expressed in intestinal ER. *Journal of Cell Science*, *119*(Pt 5), 943. https://doi.org/10.1242/JCS.02803

Siddique, K. H. M., Regan, K. L., Tennant, D., & Thomson, B. D. (2001). Water use and water use efficiency of cool season grain legumes in low rainfall Mediterranean-type environments. *European Journal of Agronomy*, *15*(4), 267–280.

Simpson, S. D., Nakashima, K., Narusaka, Y., Seki, M., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2003). Two different novel cis-acting elements of erd1, a clpA homologous Arabidopsis gene function in induction by dehydration stress and dark-induced senescence. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *33*(2), 259–270. https://doi.org/10.1046/J.1365-313X.2003.01624.X

Singh, B., & Singh, G. (2004). Influence of soil water regime on nutrient mobility and uptake by Dalbergia sissoo seedlings. *Tropical Ecology*, *45*(2), 337–340.

Stief, A., Altmann, S., Hoffmann, K., Pant, B. D., Scheible, W. R., & Bäurle, I. (2014). Arabidopsis miR156 Regulates Tolerance to Recurring Environmental Stress through SPL Transcription Factors. *The Plant Cell*, *26*(4), 1792–1807. https://doi.org/10.1105/TPC.114.123851

Subramanian, K. S., Santhanakrishnan, P., & Balasubramanian, P. (2006). Responses of field grown tomato plants to arbuscular mycorrhizal fungal colonization under varying intensities of drought stress. *Scientia Horticulturae*, *107*(3), 245–253. https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2005.07.006

Sunkar, R., & Zhu, J. K. (2004). Novel and stress-regulated microRNAs and other small RNAs from Arabidopsis. *The Plant Cell*, *16*(8), 2001–2019. https://doi.org/10.1105/TPC.104.022830

Sunkar, R., Kapoor, A., & Zhu, J. K. (2006). Posttranscriptional induction of two Cu/Zn superoxide dismutase genes in Arabidopsis is mediated by downregulation of miR398

and important for oxidative stress tolerance. *The Plant Cell*, *18*(8), 2051–2065. https://doi.org/10.1105/TPC.106.041673

Taji, T., Ohsumi, C., Iuchi, S., Seki, M., Kasuga, M., Kobayashi, M., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2002). Important roles of drought- and cold-inducible genes for galactinol synthase in stress tolerance in Arabidopsis thaliana. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *29*(4), 417–426. https://doi.org/10.1046/J.0960-7412.2001.01227.X

Tovar-Méndez, A., Miernyk, J. A., & Randall, D. D. (2003). Regulation of pyruvate dehydrogenase complex activity in plant cells. *European Journal of Biochemistry*, *270*(6), 1043–1049. https://doi.org/10.1046/J.1432-1033.2003.03469.X

Tran, L. S. P., Nakashima, K., Sakuma, Y., Simpson, S. D., Fujita, Y., Maruyama, K., Fujita, M., Seki, M., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2004). Isolation and Functional Analysis of Arabidopsis Stress-Inducible NAC Transcription Factors That Bind to a Drought-Responsive cis-Element in the early responsive to dehydration stress 1 Promoter. *The Plant Cell*, *16*(9), 2481–2498. https://doi.org/10.1105/TPC.104.022699

Tripathi, P., Rabara, R. C., & Rushton, P. J. (2014). A systems biology perspective on the role of WRKY transcription factors in drought responses in plants. *Planta*, *239*(2), 255–266. https://doi.org/10.1007/S00425-013-1985-Y/FIGURES/3

van Ooijen, G., Mayr, G., Kasiem, M. M. A., Albrecht, M., Cornelissen, B. J. C., & Takken, F. L. W. (2008). Structure-function analysis of the NB-ARC domain of plant disease resistance proteins. *Journal of Experimental Botany*, *59*(6), 1383–1397. https://doi.org/10.1093/JXB/ERN045

Viegi, L., Pieroni, A., Guarrera, P. M., & Vangelisti, R. (2003). A review of plants used in folk veterinary medicine in Italy as basis for a databank. *Journal of Ethnopharmacology*, *89*(2–3), 221–244. https://doi.org/10.1016/J.JEP.2003.08.003

Walter, J., Nagy, L., Hein, R., Rascher, U., Beierkuhnlein, C., Willner, E., & Jentsch, A. (2011). Do plants remember drought? Hints towards a drought-memory in grasses. *Environmental and Experimental Botany*, *71*(1), 34–40. https://doi.org/10.1016/J.ENVEXPBOT.2010.10.020

Wang, B., Sun, Y., Song, N., Wang, X., Feng, H., Huang, L., & Kang, Z. (2013). Identification of UV-B-induced microRNAs in wheat. *Genetics and Molecular Research*, *12*(4), 4213–4221. https://doi.org/10.4238/2013.October.7.7

Wang, C., Deng, P., Chen, L., Wang, X., Ma, H., Hu, W., Yao, N., Feng, Y., Chai, R., Yang, G., & He, G. (2013). A Wheat WRKY Transcription Factor TaWRKY10 Confers Tolerance to Multiple Abiotic Stresses in Transgenic Tobacco. *PLOS ONE*, *8*(6), e65120. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0065120

Wang, T., Chen, L., Zhao, M., Tian, Q., & Zhang, W.-H. (2011). Identification of drought-responsive microRNAs in Medicago truncatula by genome-wide high-throughput sequencing. *BMC Genomics*, *12*(1), 367. https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-367

Wang, X., Zeng, J., Li, Y., Rong, X., Sun, J., Sun, T., Li, M., Wang, L., Feng, Y., Chai, R., Chen, M., Chang, J., Li, K., Yang, G., & He, G. (2015). Expression of TaWRKY44, a wheat WRKY gene, in transgenic tobacco confers multiple abiotic stress tolerances. *Frontiers in Plant Science*, *6*(AUG), 615. https://doi.org/10.3389/FPLS.2015.00615/BIBTEX

Wei, L., Zhang, D., Xiang, F., & Zhang, Z. (2009). Differentially Expressed miRNAs Potentially Involved in the Regulation of Defense Mechanism to Drought Stress in Maize Seedlings. *International Journal of Plant Sciences*, *170*(8), 979–989. https://doi.org/10.1086/605122

Wei, L., Zhang, D., Xiang, F., & Zhang, Z. (2015). Differentially Expressed miRNAs Potentially Involved in the Regulation of Defense Mechanism to Drought Stress in Maize Seedlings. *Https://Doi.Org/10.1086/605122*, *170*(8), 979–989. https://doi.org/10.1086/605122

Wei, S., Yu, B., Gruber, M. Y., Khachatourians, G. G., Hegedus, D. D., & Hannoufa, A. (2010). Enhanced Seed Carotenoid Levels and Branching in Transgenic Brassica napus Expressing the Arabidopsis miR156b Gene. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *58*(17), 9572–9578. https://doi.org/10.1021/JF102635F

Weiss, E., Kislev, M. E., & Hartmann, A. (2006). Autonomous cultivation before domestication. In *Science* (Vol. 312, Issue 5780, pp. 1608–1610). https://doi.org/10.1126/science.1127235

Willcox, G., Fornite, S., & Herveux, L. (2008). Early Holocene cultivation before domestication in northern Syria. *Vegetation History and Archaeobotany*, *17*(3), 313–325. https://doi.org/10.1007/S00334-007-0121-Y/TABLES/12

Woodger, F. J., Millar, A., Murray, F., Jacobsen, J. V., & Gubler, F. (2003). The Role of GAMYB Transcription Factors in GA-Regulated Gene Expression. *Journal of Plant Growth Regulation*, *22*(2), 176–184. https://doi.org/10.1007/S00344-003-0025-8

Wu, J., Chen, J., Wang, L., & Wang, S. (2017). Genome-wide investigation of WRKY transcription factors involved in terminal drought stress response in common bean. *Frontiers in Plant Science*, *8*, 380. https://doi.org/10.3389/FPLS.2017.00380/BIBTEX

Wu, M. F., Tian, Q., & Reed, J. W. (2006). Arabidopsis microRNA167 controls patterns of ARF6 and ARF8 expression, and regulates both female and male reproduction. *Development (Cambridge, England)*, *133*(21), 4211–4218. https://doi.org/10.1242/DEV.02602

Xie, F., Xiao, P., Chen, D., Xu, L., & Zhang, B. (2012). miRDeepFinder: a miRNA analysis tool for deep sequencing of plant small RNAs. *Plant Molecular Biology*, *80*(1), 75–84. https://doi.org/10.1007/S11103-012-9885-2

Xie, K., Wu, C., & Xiong, L. (2006). Genomic Organization, Differential Expression, and Interaction of SQUAMOSA Promoter-Binding-Like Transcription Factors and microRNA156 in Rice. *Plant Physiology*, *142*(1), 280–293. https://doi.org/10.1104/PP.106.084475

Xiong, L. (2007). Abscisic Acid In Plant Response And Adaptation To Drought And Salt Stress. *Advances in Molecular Breeding Toward Drought and Salt Tolerant Crops*, 193–221. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5578-2_9

Xiong, L., Wang, R. G., Mao, G., & Koczan, J. M. (2006). Identification of Drought Tolerance Determinants by Genetic Analysis of Root Response to Drought Stress and Abscisic Acid. *Plant Physiology*, *142*(3), 1065–1074. https://doi.org/10.1104/PP.106.084632

Xu, Z. S., Xia, L. Q., Chen, M., Cheng, X. G., Zhang, R. Y., Li, L. C., Zhao, Y. X., Lu, Y., Ni, Z. Y., Liu, L., Qiu, Z. G., & Ma, Y. Z. (2007). Isolation and molecular characterization of the Triticum aestivum L. ethylene-responsive factor 1 (TaERF1) that increases multiple stress tolerance. *Plant Molecular Biology*, *65*(6), 719–732. https://doi.org/10.1007/S11103-007-9237-9/FIGURES/7

Xue, G.-P., Bower, N. I., McIntyre, C. L., Riding, G. A., Kazan, K., Shorter, R., Xue, G.-P., Bower, N. I., McIntyre, C. L., Riding, G. A., Kazan, K., & Shorter, R. (2006). TaNAC69 from the NAC superfamily of transcription factors is up-regulated by abiotic stresses in wheat and recognises two consensus DNA-binding sequences. *Functional Plant Biology*, *33*(1), 43–57. https://doi.org/10.1071/FP05161

Xue, G. P., Way, H. M., Richardson, T., Drenth, J., Joyce, P. A., & McIntyre, C. L. (2011). Overexpression of TaNAC69 Leads to Enhanced Transcript Levels of Stress Up-Regulated Genes and Dehydration Tolerance in Bread Wheat. *Molecular Plant*, *4*(4), 697–712. https://doi.org/10.1093/MP/SSR013

Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2005). Organization of cis-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters. *Trends in Plant Science*, *10*(2), 88–94. https://doi.org/10.1016/J.TPLANTS.2004.12.012

Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2006). Transcriptional regulatory networks in cellular responses and tolerance to dehydration and cold stresses. *Annual Review of Plant Biology*, *57*, 781–803. https://doi.org/10.1146/ANNUREV.ARPLANT.57.032905.105444

Yamane, K., Hayakawa, K., Kawasaki, M., Taniguchi, M., & Miyake, H. (2003). Bundle sheath chloroplasts of rice are more sensitive to drought stress than mesophyll chloroplasts. *Journal of Plant Physiology*, *160*(11), 1319–1327. https://doi.org/10.1078/0176-1617-01180

Yang, J. H., Han, S. J., Yoon, E. K., & Lee, W. S. (2006). "Evidence of an auxin signal pathway, microRNA167-ARF8-GH3, and its response to exogenous auxin in cultured rice cells." *Nucleic Acids Research*, *34*(6), 1892–1899. https://doi.org/10.1093/NAR/GKL118

Yao, X., Xiong, W., Ye, T., & Wu, Y. (2012). Overexpression of the aspartic protease ASPG1 gene confers drought avoidance in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany*, *63*(7), 2579–2593. https://doi.org/10.1093/JXB/ERR433

Ye, J., Coulouris, G., Zaretskaya, I., Cutcutache, I., Rozen, S., & Madden, T. L. (2012). Primer-BLAST: a tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction.

BMC Bioinformatics, *13*(1), 134. https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-134/FIGURES/5

Yer, E. N., Baloglu, M. C., Ziplar, U. T., Ayan, S., & Unver, T. (2016). Drought-Responsive Hsp70 Gene Analysis in Populus at Genome-Wide Level. *Plant Molecular Biology Reporter*, *34*(2), 483–500. https://doi.org/10.1007/S11105-015-0933-3/FIGURES/7

Yu, N., Niu, Q. W., Ng, K. H., & Chua, N. H. (2015). The role of miR156/SPLs modules in Arabidopsis lateral root development. *The Plant Journal : For Cell and Molecular Biology*, *83*(4), 673–685. https://doi.org/10.1111/TPJ.12919

Zare, S., Nazarian-Firouzabadi, F., Ismaili, A., & Pakniyat, H. (2019). Identification of miRNAs and evaluation of candidate genes expression profile associated with drought stress in barley. *Plant Gene*, *20*. https://doi.org/10.1016/j.plgene.2019.100205

Zhang, C., Zhang, B., Ma, R., Yu, M., Guo, S., Guo, L., & Korir, N. K. (2016). Identification of Known and Novel microRNAs and Their Targets in Peach (Prunus persica) Fruit by High-Throughput Sequencing. *PLOS ONE*, *11*(7), e0159253. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0159253

Zhang, F., Luo, X., Zhou, Y., & Xie, J. (2016). Genome-wide identification of conserved microRNA and their response to drought stress in Dongxiang wild rice (Oryza rufipogon Griff.). *Biotechnology Letters*, *38*(4), 711–721. https://doi.org/10.1007/S10529-015-2012-0

Zhang, L., Zhao, G., Xia, C., Jia, J., Liu, X., & Kong, X. (2012). A wheat R2R3-MYB gene, TaMYB30-B, improves drought stress tolerance in transgenic Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany*, *63*(16), 5873–5885. https://doi.org/10.1093/JXB/ERS237

Zhang, W., Qin, C., Zhao, J., & Wang, X. (2004). Phospholipase D alpha 1-derived phosphatidic acid interacts with ABI1 phosphatase 2C and regulates abscisic acid signaling. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *101*(25), 9508–9513. https://doi.org/10.1073/PNAS.0402112101

Zhang, X., Zou, Z., Gong, P., Zhang, J., Ziaf, K., Li, H., Xiao, F., & Ye, Z. (2011). Over-expression of microRNA169 confers enhanced drought tolerance to tomato. *Biotechnology Letters*, *33*(2), 403–409. https://doi.org/10.1007/S10529-010-0436-0/FIGURES/5

Zhao, B., Liang, R., Ge, L., Li, W., Xiao, H., Lin, H., Ruan, K., & Jin, Y. (2007). Identification of drought-induced microRNAs in rice. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *354*(2), 585–590. https://doi.org/10.1016/J.BBRC.2007.01.022

Zhao, X., Liu, X., Guo, C., Gu, J., & Xiao, K. (2013). Identification and characterization of microRNAs from wheat (Triticum aestivum L.) under phosphorus deprivation. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, *22*(1), 113–123. https://doi.org/10.1007/S13562-012-0117-2/FIGURES/3

Zheng, X., Chen, B., Lu, G., & Han, B. (2009). Overexpression of a NAC transcription factor enhances rice drought and salt tolerance. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *379*(4), 985–989. https://doi.org/10.1016/J.BBRC.2008.12.163

Zheng, Y., Hivrale, V., Zhang, X., Valliyodan, B., Lelandais-Brière, C., Farmer, A. D., May, G. D., Crespi, M., Nguyen, H. T., & Sunkar, R. (2016). Small RNA profiles in soybean primary root tips under water deficit. *BMC Systems Biology*, *10*(Suppl 5). https://doi.org/10.1186/S12918-016-0374-0

Zhou, L., Liu, Y., Liu, Z., Kong, D., Duan, M., & Luo, L. (2010). Genome-wide identification and analysis of drought-responsive microRNAs in Oryza sativa. *Journal of Experimental Botany*, *61*(15), 4157–4168. https://doi.org/10.1093/jxb/erq237

Zhou, M., Li, D., Li, Z., Hu, Q., Yang, C., Zhu, L., & Luo, H. (2013). Constitutive Expression of a miR319 Gene Alters Plant Development and Enhances Salt and Drought Tolerance in Transgenic Creeping Bentgrass. *Plant Physiology*, *161*(3), 1375–1391. https://doi.org/10.1104/PP.112.208702

Zhou, R., Wang, Q., Jiang, F., Cao, X., Sun, M., Liu, M., & Wu, Z. (2016). Identification of miRNAs and their targets in wild tomato at moderately and acutely elevated temperatures by high-throughput sequencing and degradome analysis. *Scientific Reports*, *6*. https://doi.org/10.1038/SREP33777

Zhou, R., Yu, X., Ottosen, C. O., Zhang, T., Wu, Z., & Zhao, T. (2020). Unique miRNAs and their targets in tomato leaf responding to combined drought and heat stress. *BMC Plant Biology*, *20*(1). https://doi.org/10.1186/S12870-020-2313-X

Zhuang, J., Chen, J. M., Yao, Q. H., Xiong, F., Sun, C. C., Zhou, X. R., Zhang, J., & Xiong, A. S. (2011). Discovery and expression profile analysis of AP2/ERF family genes from Triticum aestivum. *Molecular Biology Reports*, *38*(2), 745–753. https://doi.org/10.1007/S11033-010-0162-7/FIGURES/4

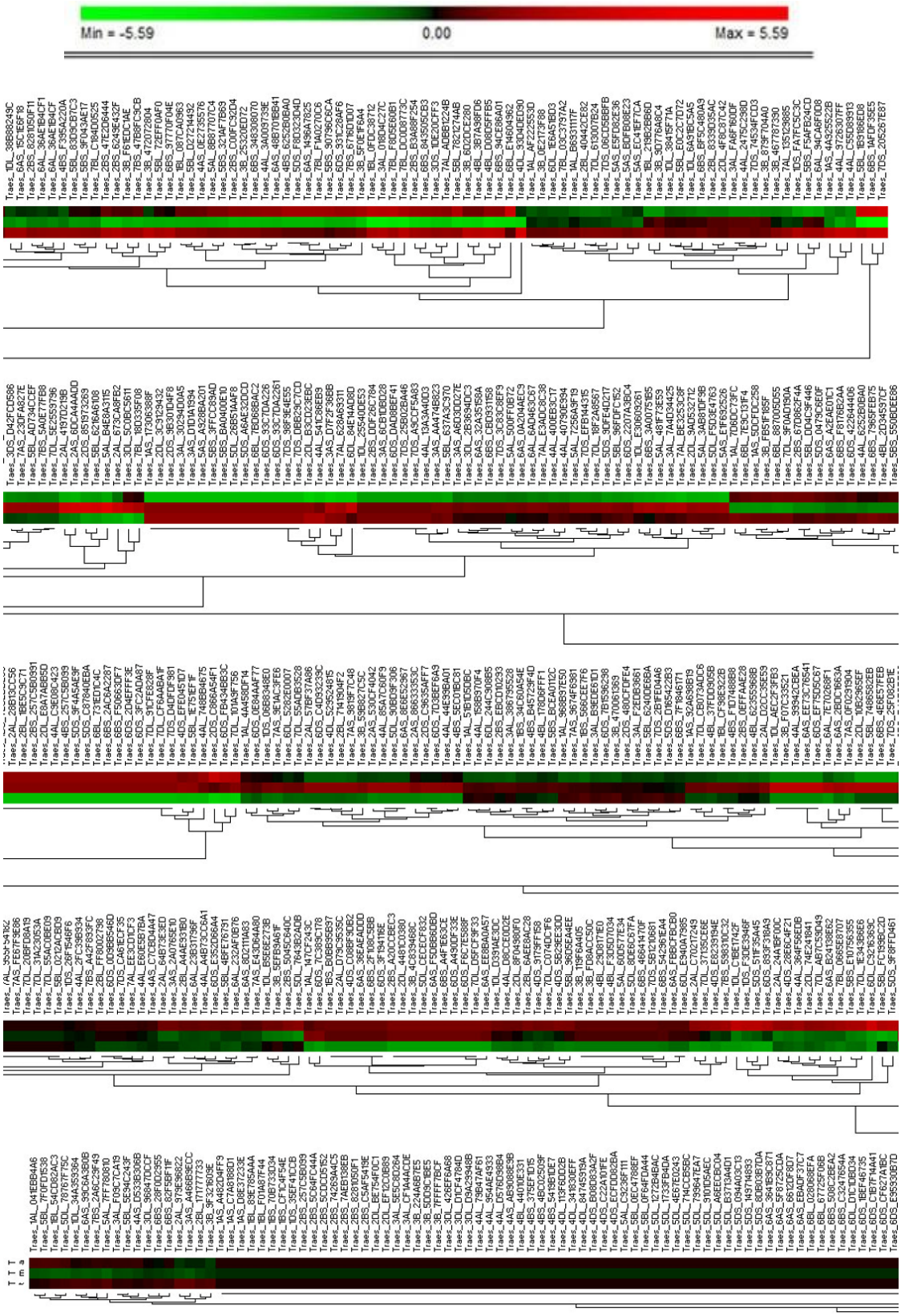
Zohary, D. (1969). The progenitors of wheat and barley in relation to domestication and agriculture dispersal in the old world. In P. J. Ucko ve G. W. Dimbleby (Eds.), *The Domestication and Exploitation of Plants and Animals* (pp. 47–66). Aldine Pub.

Zohary, D., Hopf, M., & Weiss, E. (2012). Domestication of Plants in the Old World: The origin and spread of domesticated plants in Southwest Asia, Europe, and the Mediterranean Basin. *Domestication of Plants in the Old World: The Origin and Spread of Domesticated Plants in Southwest Asia, Europe, and the Mediterranean Basin*, 1–264. https://doi.org/10.1093/ACPROF:OSOBL/9780199549061.001.0001

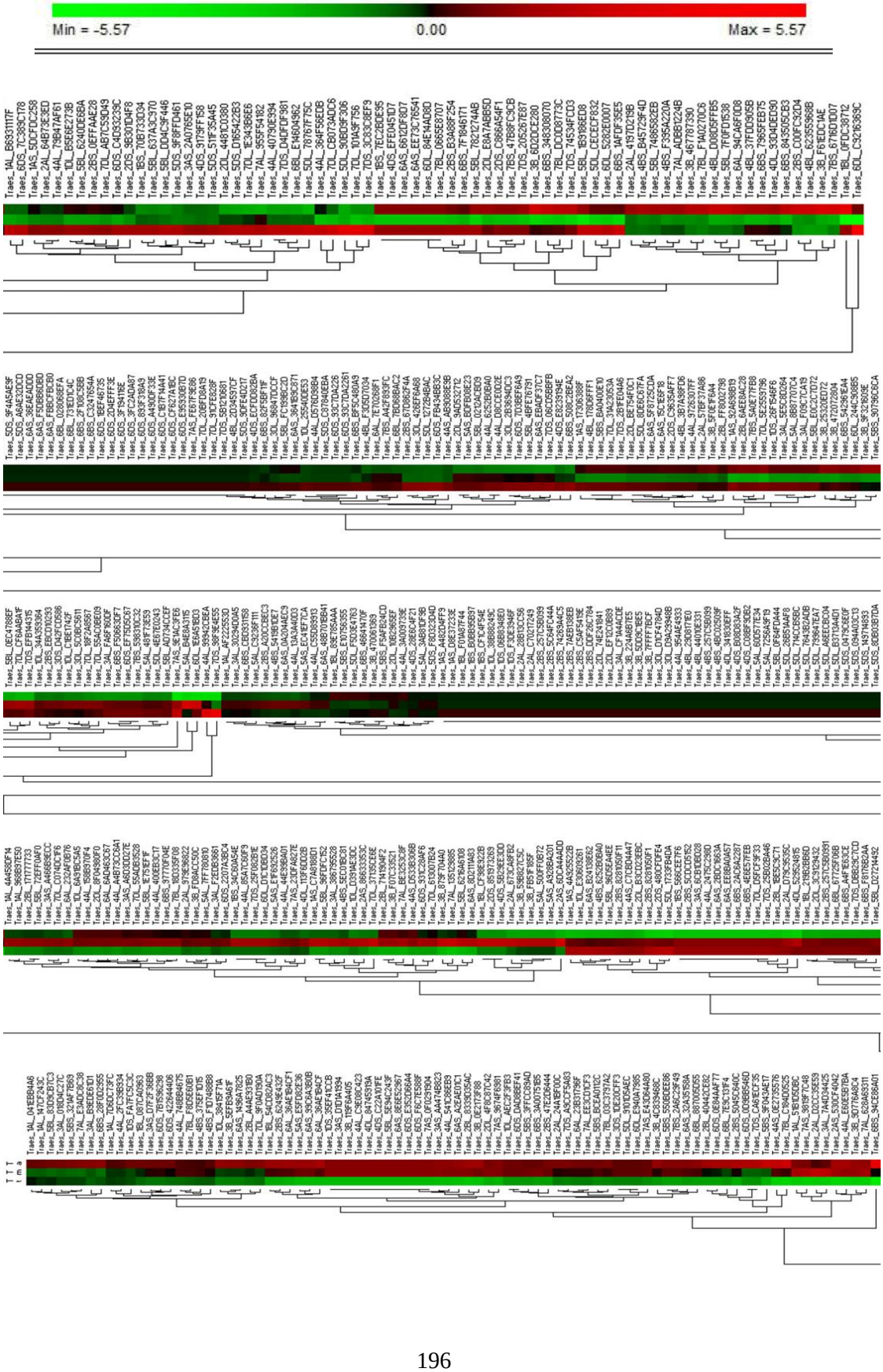
Zuker, M. (2003). Mfold web server for nucleic acid folding and hybridization prediction. *Nucleic Acids Research*, *31*(13), 3406–3415. https://doi.org/10.1093/NAR/GKG595

EKLER

EK A Her üç buğday türü için yaprak dokusunda degradom analizi sonucunda tespit edilen hedef genlerin ifade seviyesindeki farklılıklar



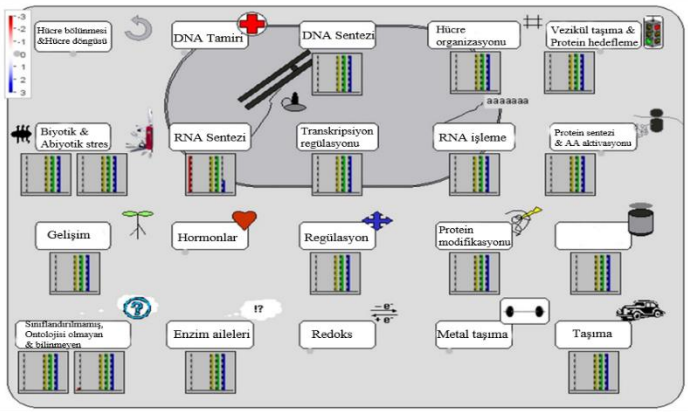
EK B Her üç buğday türü için kök dokusunda degradom analizi sonucunda tespit edilen hedef genlerin ifade seviyesindeki farklılıklar



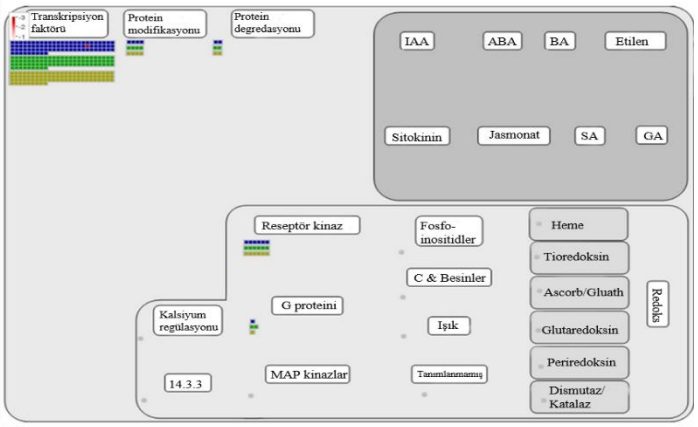
EK C Hücre fonksiyonları, regülasyon ve RNA-Protein ilişki yolaklarını gösteren MapMan grafikleri

MAVİ : *Triticum aestivum* YEŞİL: *Triticum monococcum* SARI : *Triticum turgidum*

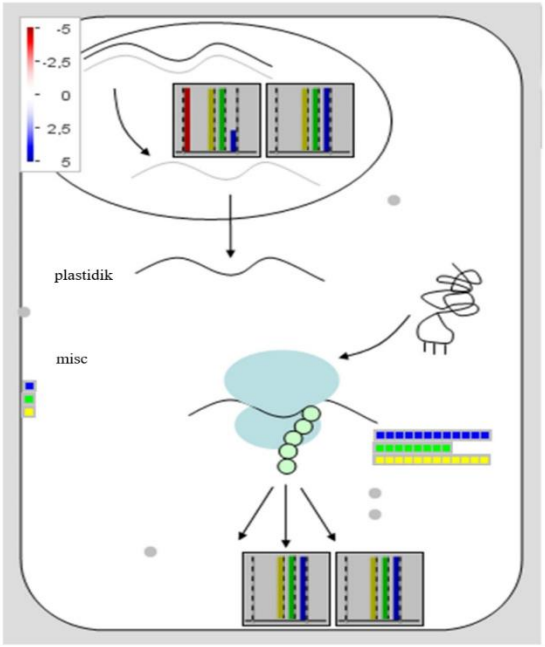
HÜCRE FONKSİYON YOLAKLARI



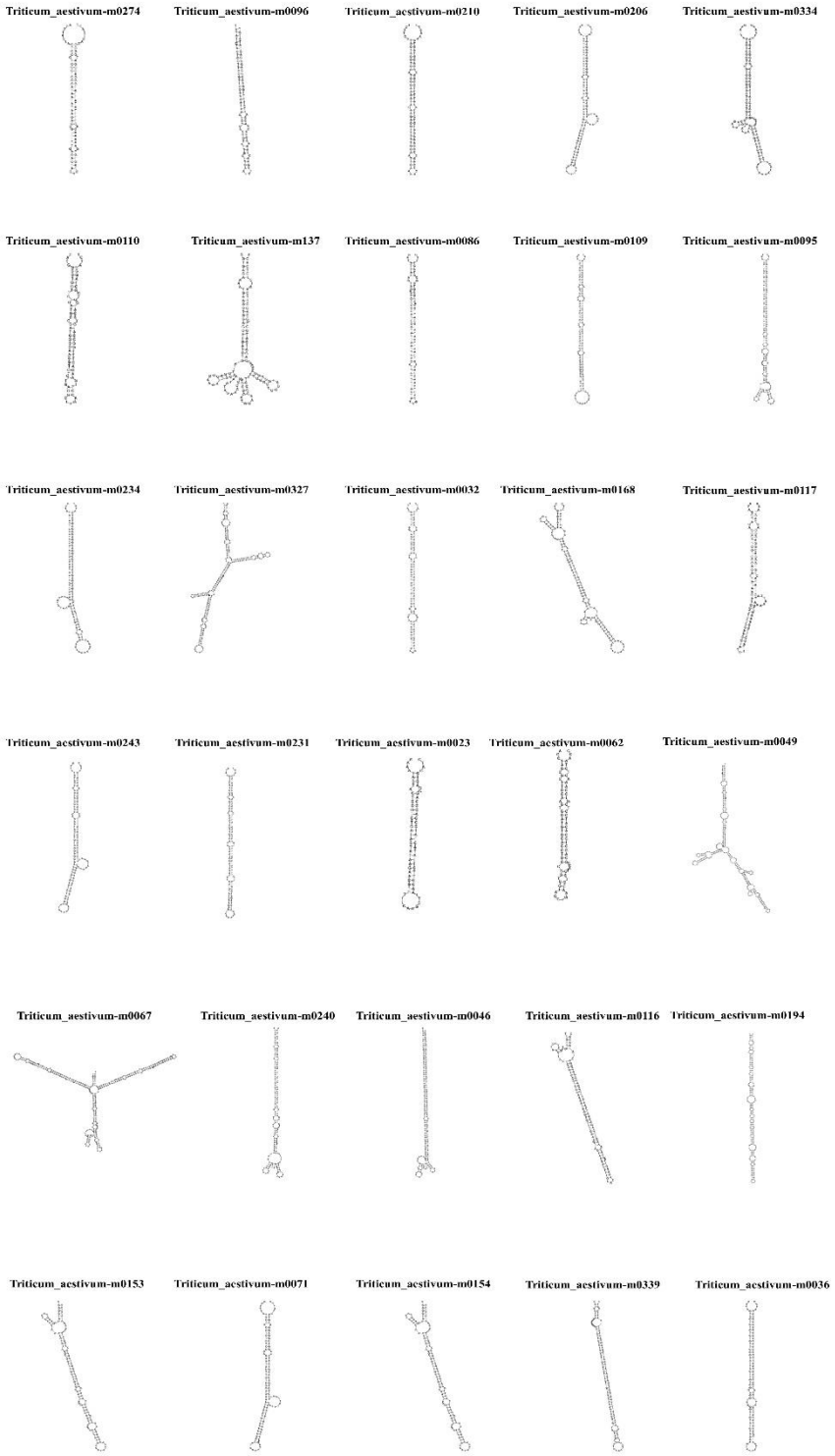
REGÜLASYON YOLAKLARI



RNA-PROTEİN İLİŞKİ YOLAKLARI



EK D Yeni miRNA'ların mfe' ye göre çizilmiş ikincil yapıları



EK E Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait yaprak dokularında kontrol ve stres uygulamasından sonra belirlenen miRNA' ların hedef genleri ve bunların anotasyon bilgileri

Triticum monococcum_Stress_Leaf								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2				1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6				914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6				914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3				1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1134	Traes_1AL_AF222553D.2				568	591	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUCUCCUUGUUGUUGUUGUUGUUG
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1				1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2				1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3				1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4				1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1				1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12				96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1				557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E.1				101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2				369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2				591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1				37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1				63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1				47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1				3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6				623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2				119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU

EK E'nin devamı

tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2				516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2				976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2				109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1				858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2				858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3				822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1				794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2				620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2				587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1				522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1				623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1				346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1				991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1				680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2				606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1				121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1				493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1				553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1				753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1				1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1				1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGGCGGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1				288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1				455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGGCGGCGA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2				455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGGCGGCGA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2				703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1				680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2				672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3				633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2				1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2				1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FFB002798.2				889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU

EK E'nin devamı

tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1				21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2				2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1				1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1				538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2				538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3				448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1				30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1				389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2				497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1				116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2				116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1				164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6				1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2				448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5				468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1				9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2				225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2				843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2				792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4				786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2				105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1				1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1				392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2				39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2				1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1				4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2				4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1				917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1				177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2				66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3				12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1				429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1				725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1				763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2				725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2				763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2				16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4				9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1				1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1				1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA

EK E'nin devamı

tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3				1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3				1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2				564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3				540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1				171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2				177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3				171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8				3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1				789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13				102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2				748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3				576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1				575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2				43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1				1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2				1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3				1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4				764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5				752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6				731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7				710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9				356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2				228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1				88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2				1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1				786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2				795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1				1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1				684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA

EK E'nin devamı

tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10				10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3				37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7				10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6				1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7				835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2				394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2				558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3				558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1				46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1				583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1				1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1				2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2				2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1				647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2				644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3				620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4				587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2				140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2				1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3				1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1				194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2				454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3				454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1				191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1				706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1				747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2				722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2				1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2				37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1				525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1				46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4				653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2				1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1				215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU

EK E'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2				215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5				103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2				2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2				3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5				1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6				1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7				824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4				41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1				387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2				692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3				950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2				991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1				22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1				368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6				368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1				506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGGCGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1				1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2				1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3				524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4				1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5				1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2				656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4				1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4				1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2				1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1				986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1				1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2				1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5				512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1				914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2				898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1				411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8				49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1				1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1				986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2				2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3				1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4				1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1				242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU

EK E'nin devamı

tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1				62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2				62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4				62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5				62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6				62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3				95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2				23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2				63	82	UAGAUACAUCCGAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1				1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2				1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2				1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1				461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2				34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3				392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1				656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1				1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGGCGUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1				1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2				1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3				1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4				128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2				779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3				779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4				371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8				617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9				41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1				242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1				1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1				383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1				158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2				152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1				209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1				1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2				128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1				185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2				185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3				185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1				1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2				1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3				1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1				1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2				1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3				1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK E'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2				1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1				195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2				846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3				760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5				742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4				1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4				1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3				15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3				497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5				1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5				1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663.A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663.A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1				2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2				1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2				120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK E'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3				1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2				2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2				278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1				1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3				215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3				761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2				35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3				35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13				2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1				87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2				763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2				842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2				884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3				871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10				1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14				584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1				1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2				1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4				1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4				1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2				421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1				155	178	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1				181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1				111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7				1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2				51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1				503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2				3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3				721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1				650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1				1141	1161	UCUUAUAUUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1				1141	1161	UCUAAUAUUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1				52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2				215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1				399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10				229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3				4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5				4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2				451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1				11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1				1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2				1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3				1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1268	1288	UCUUAUAUUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1268	1288	UCUAAUAUUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1				377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2				1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5				1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6				973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG

EK E'nin devamı

tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2				913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3				75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4				81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2				3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2				347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1				117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1				236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2				2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3				2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6				1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG

EK E'nin devamı

tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2				1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1				497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2				296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3				109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8				1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2				1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2				1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4				99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5				730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2				2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR5050	Traes_7DS_A9CCF5A83.5				297	317	UUGAACGACCUCACCAUGUCG	UGCCAUGAUGAGGUCGUUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1				33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5				2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK E'nin devamı

Triticum aestivum_Control_Leaf								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E.1	PF00759	AT2G44550.1	glycosyl hydrolase 9B10	101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG

EK E'nin devamı

tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGGCGGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCCGCGGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1	PF05978	AT1G18010.1	Major facilitator superfamily protein	845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1	PF05978	AT1G18000.1	Major facilitator superfamily protein	845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_44810380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA

EK E'nin devamı

tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGGCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGGCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGGCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGGCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4		AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3	PF00646			653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUCCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK E'nin devamı

tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1	PF14416,PF13839	AT2G40320.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 33	98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2	PF14416,PF13839	AT3G11030.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 32	98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3	PF14416,PF13839	AT2G40320.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 33	95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA

EK E'nin devamı

tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGUCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCUGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUCUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUCUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNAse E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAAUAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG

EK E'nin devamı

tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGGAUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGGAUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1	PF01344,PF00931	AT2G02870.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK E'nin devamı

Triticum aestivum_Stress_Leaf								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13929	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	536	CUGCGACAAGUAAUUUCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E.1	PF00759	AT2G44550.1	glycosyl hydrolase 9B10	101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16				836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17				836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18				836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G17720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCCGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19				836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20				836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22				836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA

EK E'nin devamı

tae-miR1120c-5p	Traes_1D1_.6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1D1_.AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1D1_.B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1D1_.C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1D1_.D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1D1_.D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1D1_.D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1D1_.E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_.06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_.06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_.26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_.26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_.35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_.F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_.FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_.24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_.28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_.4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_.57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_.57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_.64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_.673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_.673CA8FB2.2	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_.979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_.979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_.979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_.979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_.C7021749.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGCAAUGCAGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_.D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_.D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_.D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_.D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_.D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_.D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_.D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_.530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_.530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_.530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_.6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_.86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_.171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_.171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_.171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_.1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_.1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_.40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	723	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_.6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_.6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_.6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGACAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_.7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_.7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_.8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_.8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_.8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_.8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_.8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_.A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_.FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_.0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_.0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_.257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_.257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_.257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_.257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_.47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_.47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_.47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_.47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_.5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_.5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_.5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_.5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_.5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_.5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_.6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_.6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_.6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_.67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_.74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_.74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_.7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_.8281050F1.1	PF05978	AT1G18010.1	Major facilitator superfamily protein	845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACGGUCCUGCUCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_.8281050F11.1	PF05978	AT1G18000.1	Major facilitator superfamily protein	845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACGGUCCUGCUCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_.A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_.B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_.B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_.C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_.C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_.DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_.DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_.EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_.EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA

EK E'nin devamı

tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481CD380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1768	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	468	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	29	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851971269.7				178	198	AAUAGGGAUCGGAGGAGUUAC	GUACUCCUCCGAUUCCUAUUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGACA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGACA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6C81D8D28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6C81D8D28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUUGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU

EK E'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGUGCUCCGGCAAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGCACAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3D1_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3D1_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3D1_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3D1_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3D1_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3D1_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3D1_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3D1_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3D1_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD3586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D33.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUUCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUAACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1923	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU

EK E'nin devamı

tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4		AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR11300-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGGCGCGCACAU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUCCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	62	82	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	545	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3	PF00646			653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_87475919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_87475919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	585	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR11370-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_5001F0B72.1				43	63	UGAACCUUAUGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1				43	63	UGAACCUUAUGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGAUUUUCUGGAGCGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				46	68	UG-UAAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR11300-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5F382E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUGCUUCUCCA

EK E'nin devamı

tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186E9E.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1	PF14416,PF13839	AT2G40320.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 33	98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2	PF14416,PF13839	AT3G11030.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 32	98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3	PF14416,PF13839	AT2G40320.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 33	95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	83	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1				43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG

EK E'nin devamı

tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	29	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1				43	63	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGGUCCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	393	414	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	67	87	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DFBD7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	67	87	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B241388E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B241388E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6D8D.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAUACUUGU
tae-miR11300b-3p	Traes_6BL_7BD68B9AC.3	PF00366	AT5G27540.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR11300b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUUGUGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	22	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				68	88	UACUACUCCCUGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUCAACAUCCCAGAGCCACCG	CUCUGGCUCUGGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.1D	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCUCCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeteminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGGCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGGCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransfease 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	176	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CCGCUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	53	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE325X8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE325X8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4948	4968	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5	PF05001,PF05000,PF04997,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1475	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGUUUAGAAGGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	GAUCACAAAGUUGAGUCAUC	GAUCACUCACAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNase E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	123	UUUCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	123	UUUCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUUCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4825	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2963	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUCACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUCACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUCACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUCACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUCACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2583	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	298	318	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	43	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3CB3CBEF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3CB3CBEF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3CB3CBEF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3CB3CBEF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3CB3CBEF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3CB3CBEF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UACAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK E'nin devamı

Triticum turgidum_Control_Leaf								
miRNA_Acc.	Target_Acc.	Pfam	Best-hit-arabi-name	arabi-defline	Target_start	Target_end	miRNA_aligned_fragment	Target_aligned_fragment
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13929	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUUCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAAACAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912B1D52.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CDB2AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CDB2AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	309	329	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CDB2AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_80BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA

EK E'nin devamı

tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	53	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCCAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCCAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E36609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B834BE0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.2	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGUCUUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGCGGCGGCGGUCGAAUG	CGUUCGGCGGGCGGCGCGCGA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGUCUUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGCGGCGGCGGUCGAAUG	CGUUCGGCGGGCGGCGCGCGA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGCGGCGGCGGUCGAAUG	CGUUCGGCGGGCGGCGCGCGA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUCCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAAGCGUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAAGCGUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAAGCGUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACG	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGGCGGCGGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGGCGGCGGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUUAUAUUA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481CD380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F9C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F9C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU

EK E'nin devamı

tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UCAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_186795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGAGGGAGUAUAUUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA

EK E'nin devamı

tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G75950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	559	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	578	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGUCGAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK E'nin devamı

tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	768	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	17	18	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1	PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4	PF00240,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5	PF00240,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6	PF02171,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	63	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				328	348	ACAUUGGUGGAAGGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1353	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2533	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1	PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	69	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGGCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU

EK E'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGGCGGCGUUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1288	1310	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1379	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	GGCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				392	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	63	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1	PF02171,PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4	PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5	PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1	PF16488,PF08699,PF16486,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	63	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGUUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGUUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK E'nin devamı

tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87B40EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87B40EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	67	87	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	23	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-GGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD93115B.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	178	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	203	UAUACGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCAGAAACCGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUCUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUCCCGUCCGGAAAACUUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3'-5'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5	PF05001,PF05000,PF04997,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	865	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1ACC8FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				52	72	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5059	5079	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5011	5033	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAAGGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D11D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNAse E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUCGAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUCGAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU

EK E'nin devamı

tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	53	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCCGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1054	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	43	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	113	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCCUCCGAUCCAUAUU

EK E'nin devamı

Triticum turgidum_Stress_Leaf								
miRNA_Acc.	Target_Acc.	Pfam	Best-hit-arabi-name	arabi-defline	Target_start	Target_end	miRNA_aligned_fragment	Target_aligned_fragment
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13929	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	536	CUGCGACAAGUAAUUUCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CDB2AC3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CDB2AC3.2				369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CDB2AC3.3				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G17720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_3BB88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	46	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK E'nin devamı

tae-miR5175-5p	Traes_1D1_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUAUCUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1D1_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1D1_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1D1_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1D1_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.2	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGACGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1				1164	1184	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGGGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGGGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGGGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	CUCCGAUCCCUAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAAGCUCUUA	UAAGAGCUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAAGCUCUUA	UAAGAGCUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAAGCUCUUA	UAAGAGCUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481CD380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCGAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA

EK E'nin devamı

tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	29	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	533	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	653	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	533	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	533	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2				225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_3867955282	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	38	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7AB034425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1028	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	25	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	25	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A9C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAAGGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA

EK E'nin devamı

tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR11330b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR11330b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF478AD.2	PF13307,PF06733	AT1G75950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR11222b-3p	Traes_3DS_D42FCD5B6.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR11278-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUAUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	559	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	578	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR11330b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR11330b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR11330b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR11330b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR11330b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR11330b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCUAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD9058.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU

EK E'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	768	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	62	83	UCAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGGGUUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGGUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1	PF11744	AT2G27240.1	Aluminium activated malate transporter family protein	583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1	PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	885	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4	PF00240,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5	PF00240,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6	PF02171,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	371	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACAACAGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCCUUCGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2533	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1	PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAAGGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGGCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGGCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU

EK E'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5E4AFE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	63	85	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE9B.2	PF07762			1135	1157	CACUAGAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCAUUCCAAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BAD400E10.1				1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGGUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1	PF02171,PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4	PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5	PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1	PF16488,PF08699,PF16486,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGGUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1				195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR11308-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR11308-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751BS.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751BS.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	269	289	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	869	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD93115B.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C90BB5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	176	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E8AAAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1748	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129B85.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05970.1		52	72	CAUAUACUCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU

EK E'nin devamı

tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	675	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1				399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.10	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.5	PF05001,PF05000,PF04997,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE9CD1CF3.8	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	53	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3498	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	368	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNase E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU

EK E'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04938	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	53	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2583	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_2052676787.1				92	113	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK E'nin devamı

Triticum monococcum_Control_Leaf								
miRNA_Acc.	Target_Acc.	Plam	Best-hit-arabi-name	arabi-defline	Target_start	Target_end	miRNA_aligned_fragment	Target_aligned_fragment
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCUCCC-GAAA	UUUCCGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1134	Traes_1AL_AF22255D.2				569	591	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUCUCCUUCUUGUUGUUGUUGUUG
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1321	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1321	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1321	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA---GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	153	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E3723E.1	PF00759	AT2G44550.1	glycosyl hydrolase 9B10	101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G21060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUCUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGGCUGGGAUGGUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCCUGGCGGCUGGGAUGGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGGCUGGGAUGGUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	63	83	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCCUGGCGGCUGGGAUGGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0B895B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCCUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG

EK E'nin devamı

tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	81	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	638	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_28F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_28F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACCGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR11200-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	573	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR11300-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGGCCGGCCGUCGAAUG	CGUUCGGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR11300-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUCCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_8663335C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR11300-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGGCCGGCCGUCGAAUG	CGUUCGGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGGCCGGCCGUCGAAUG	CGUUCGGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	723	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1038	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUGG
tae-miR1135	Traes_2BL_AAAE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGCAAUUACUUGUCCCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	888	908	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUUUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUUUUAUAUUA
tae-miR11300-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUUAUUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1	PF05978	AT1G18010.1	Major facilitator superfamily protein	845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1	PF05978	AT1G18000.1	Major facilitator superfamily protein	845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	517	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	946	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGGCCGGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCCACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGGCCGGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCCACGGCGCGCUCA
tae-miR11300-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA

EK E'nin devamı

tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR11308-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	489	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUCCCGUCCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD323EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	AGUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_B8754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGGUGGUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_B8754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_853973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_886795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5CBD264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2				1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR11308-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR11308-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter Suffl / Polynucleotidyl transferase	589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR11308-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB9468C_9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B8279C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	749	767	UGUAUCAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA

EK E'nin devamı

tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1603	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCCGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUCCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_98847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF478AD.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUCCUCCGAUCCGAGUAC	AUAAUCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACCGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACCGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	483	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCCGUCGGUU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C2980.3	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2BC5B8934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGCGAGUUCGAGAUGAUGCAA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide bindingnucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide bindingnucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748B84675.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	148	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 2?	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 2?	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 2?	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1923	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	626	646	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4		AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGCAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD9058.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA

EK E'nin devamı

tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_623559688.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_623559688.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	707	768	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	18	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	253	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUCAUCUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2	PF00646	AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUCAUCUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3	PF00646			653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUCAUCUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1356	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_3418330EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_52952481.5.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR11300-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR11300-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT4G31040.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	61	81	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D8DA2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUCCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08B9D9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3				950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1	PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4	PF00240,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5	PF00240,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	503	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6	PF02171,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGAUAUUCUCGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGAA-AA	UUUAGGGACGAGGGAGUAGUA
tae-miR11300-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUCGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUCGCUUCUCCA
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1353	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1	PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCCGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUCUCGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUCUCGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUUCUCUCUUCUGUCA

EK E'nin devamı

tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_98FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD73ACCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	263	UGAGCGCGGCGGCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCCGCUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1	PF14416,PF13839	AT2G40320.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 33	98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2	PF14416,PF13839	AT3G11030.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 32	98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3	PF14416,PF13839	AT2G40320.1	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 33	95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC1998FC2D.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	29	49	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	83	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGGCCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGGCCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGGCCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUUCGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1378	UGAGCGGCCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E107363553.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2533	CUGCAGUGCUUCUCCUCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E02A3.9	PF03828	AT3G51620.2	FAF/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUCUGGACGGAGAG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_787677F5C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGGCCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCCGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1	PF02171,PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4	PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5	PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGCACAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR11300-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1	PF16488,PF08699,PF16486,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	589	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	588	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGGCGCCGGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUUCGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D16542B83.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU

EK E'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUAAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUAAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_677251063L2				278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731EDDC4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCUGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCUGUGCCUCUGGGAUGUUCAG

EK E'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5066.3D7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C508B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	984	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	178	UAGUACCGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGUUCGUGGCUAACC	GAUCGCCACCAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCUGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGUCCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA

EK E'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434B83C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434B83C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434B83C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434B83C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3'-5'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCCUAUCCAGA	ACUACAUACCGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5	PF05001,PF05000,PF04997,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2				451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA8278.1				11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64AB0.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64AB0.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE6719E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE6719E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE6719E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5				1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6				973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA

EK E'nin devamı

tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G55940.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNAse E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGGUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGGUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20B5D8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUGCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20B5D8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_3713CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_3713CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_3713CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUCUG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUCUG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUCUG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUCUG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5	PF00171	AT3G24503.1	aldehyde dehydrogenase 2C4	116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUCUG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGGUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGGUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAAGAA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCUCCCGUUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGACUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				22	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25802BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACCGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAAGAA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAAGAA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA

EK E'nin devamı

tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR5050	Traes_7DS_A9CCF5A83.5				297	317	UUGAACGACCUCACCAUGUCG	UGCCAUGAUGAGGUCGUUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUAUCGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFD8981.1	PF01344,PF00931	AT2G02870.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFD8981.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				358	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK F Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait kök dokularında kontrol ve stres uygulamasından sonra belirlenen miRNA' ların hedef genleri ve bunların annatasyon bilgileri

Triticum aestivum_Control_Root								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A92552B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E3723E.1				101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCUGCUCUACUUCUG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	ACACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU

EK F'nin devamı

tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_4044ZCEB2.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.1	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA

EK F'nin devamı

tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	948	UAGUACCGGUUCGUGGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42,5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42,5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42,5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA

EK F'nin devamı

tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	26	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_4268F6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1				8	28	CUGCACUGCUCUCUUCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGUCCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGUCCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGUCCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA

EK F'nin devamı

tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1				647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2				644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3				620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4				587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2	PF04749	AT5G05350.1	PLAC8 family protein	167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUCACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_6235596B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_6235596B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	768	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16890.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16890.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	CGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA

EK F'nin devamı

tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1	PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4	PF00240,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5	PF00240,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6	PF02171,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500F08B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	63	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	63	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUUUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1	PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	339	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	339	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	339	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	339	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	45	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUAACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_748658ZEB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGGCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU

EK F'nin devamı

tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3				95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1	PF02171,PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4	PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5	PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1	PF16488,PF08699,PF16486,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGAGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU

EK F'nin devamı

tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACAUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACAUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2243	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	781	UAGAUACACCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUAUUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13				2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5056JDF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AS5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	176	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCCGUGCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3065	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUCGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUCGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUCGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5	PF05001,PF05000,PF04997,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F029190.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F029190.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1488	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	53	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCUCGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893F7.1	PF10150	AT2G04270.2	RNAse E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2583	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUGUAGGAACCGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA

EK F'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	113	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BAA6.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3CB3C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3CB3C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3CB3C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3CB3C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3CB3C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3CB3C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAAUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAAUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK F'nin devamı

Triticum aestivum_Stress_Root								
miRNA_Acc.	Target_Acc.	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	Target_start	Target_end	miRNA_aligned_fragment	Target_aligned_fragment
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E.1				101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU

EK F'nin devamı

tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAAUAAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAAAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAAUAAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGGCGGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGGCGGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGGCGGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG

EK F'nin devamı

tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGGCGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGGCGUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42,5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42,5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42,5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA

EK F'nin devamı

tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA

EK F'nin devamı

tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1				647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2				644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3				620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC

EK F'nin devamı

tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4				587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGGCGACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU

EK F'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGUCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3				95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA

EK F'nin devamı

tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832,5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU

EK F'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase_3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	178	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK F'nin devamı

tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10				229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3				4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5				4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU

EK F'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2,5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNAse E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA

EK F'nin devamı

tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK F'nin devamı

Triticum turgidum_Control_Root								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	513	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA—GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	63	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	838	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUGGAC	GUCAAACACGUCCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				33	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACCGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUGGAC	GUAAAAAACGUCCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				505	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_B6633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUGGAC	GUAAAAAACGUCCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.3	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1096	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				505	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_50455C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_50455C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_50455C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUGGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUGGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGUCCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGUCCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGUCCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCAUAAUAAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				625	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12CDBB9.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCCGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCUGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	425	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA

EK F'nin devamı

tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G56620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				77	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog IC	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2				155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4				50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	26	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96B47DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	833	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA

EK F'nin devamı

tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	23	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	67	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAUGUCCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCACAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	956	976	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG

EK F'nin devamı

tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	23	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	526	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	919	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGGUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1379	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU

EK F'nin devamı

tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1	PF05911	AT1G77580.2	Plant protein of unknown function (DUF869)	2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	64	UGAACUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCCGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1	PF02298	AT2G02850.1	plantacyanin	8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAAUAUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	64	UGAACUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUCGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	60	80	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1149	1169	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	425	445	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	13	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	Receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	463	483	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	63	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_02806BEFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	229	250	UCUGUAAACAAUUGUAGGACG	GAACUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG

EK F'nin devamı

tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF3E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUCGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6	PF12937	AT5G03970.2	F-box associated ubiquitination effector family protein	14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9	PF12937	AT3G17540.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGGGUGGCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGGGUGGCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGGGUGGCUCUCGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUCGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_79655FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1B46171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1B46171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCUGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	586	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	152	172	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D39BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	489	509	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1725	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUCUCUGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUCUCUGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGUUUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA

EK F'nin devamı

tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	659	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	675	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5	PF05001,PF05000,PF04997,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F029190.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F029190.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	450	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				49	69	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5056	5077	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E777FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAUGUAUCUAAACGUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_671ED1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNase E/G-like	117	139	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11	PF05001			139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12	PF05001			145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF00623,PF04997,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04997,PF04992,PF00623,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8	PF05001,PF05000,PF04983,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9	PF05001,PF05000,PF04990,PF04992,PF04998	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUCGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUCGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUCGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUCGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1273	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1273	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCGUCCGAAA	UUUGGACGGAGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	95	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	43	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4F55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1605	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK F'nin devamı

Triticum turgidum_Stress_Root								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2	PF13812,PF01535,PF13041	AT3G62470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6	PF07714	AT5G14640.1	shaggy-like kinase 13	914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3	PF14531	AT3G01090.2	SNF1 kinase homolog 10	1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2	PF06480,PF00004,PF01434	AT1G07510.1	FTSH protease 10	100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1	PF04578,PF13968	AT5G45540.1	Protein of unknown function (DUF594)	1353	1376	UCUGUAAACAAUGUA---GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12	PF13041	AT1G12300.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9	PF01535,PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1	PF16876,PF08235	AT3G09560.1	Lipin family protein	2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1	PF13639	AT1G17970.1	RING/U-box superfamily protein	121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.16		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.17		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1BL_219B2BB6D.18		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3		AT4G30080.1	auxin response factor 16	267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2	PF00436	AT4G11060.1	mitochondrially targeted single-stranded DNA binding protein	591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1	PF13359	AT2G13770.1		63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1	PF00651	AT5G19000.1	BTB-POZ and MATH domain 1	47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1	PF16760	AT1G11720.2	starch synthase 3	3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6	PF04997	AT1G63020.2	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2	PF09439	AT5G14670.1	ADP-ribosylation factor A1B	516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA

EK F'nin devamı

tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.19		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.20		AT2G46060.2	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_1DL_38415F71A.22		AT2G46060.1	transmembrane protein-related	836	858	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	UUUUGGAUGUUCCCCAAGGUUCA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2	PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2	PF03641	AT3G53450.1	Putative lysine decarboxylase family protein	109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3	PF16212	AT1G59820.1	aminophospholipid ATPase 3	822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7		AT1G04300.3	TRAF-like superfamily protein	76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1	PF13041	AT1G62930.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1	PF04997	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1		AT5G06210.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1		AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1		AT3G16200.1		991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1		AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1	PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C702172491.1	PF06507,PF02362	AT1G77850.1	auxin response factor 17	1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	533	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	1250	1270	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1		AT2G31140.1	Peptidase S24/S26A/S26B/S26C family protein	288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_8663335C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_1717777331	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_1717777331	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_1717777331	PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1	PF00067	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	455	475	UGAGCGGCGCCGUCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2	PF00067	AT5G36110.1	cytochrome P450, family 716, subfamily A, polypeptide 1	455	475	UGAGCGGCGCCGUCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3	PF02365	AT5G61430.1	NAC domain containing protein 100	633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1090	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2	PF13414	AT1G56090.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	PF07714	AT4G23180.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 10	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1	PF04178	AT5G01430.1	Got1/Sft2-like vesicle transport protein family	1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU

EK F'nin devamı

tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1	PF01428	AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1	PF01397,PF03936	AT5G23960.2	terpene synthase 21	84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1	PF05368	AT1G32100.1	pinoresinol reductase 1	389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3	PF00479,PF02781	AT5G13110.1	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2		AT2G18910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2	PF02225,PF00082	AT1G04110.1	Subtilase family protein	116	136	UGAGCGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1	PF00656	AT1G79340.1	metacaspase 4	164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_44B1C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6	PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5	PF03405	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8	PF15613,PF15614	AT5G08630.1	DDT domain-containing protein	305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C08B89.2		AT1G77850.1	auxin response factor 17	225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2	PF00069	AT5G18500.2	Protein kinase superfamily protein	843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4		AT4G36730.1	G-box binding factor 1	786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1		AT2G41540.3	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2	PF00249	AT5G02320.2	myb domain protein 3r-5	39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2		AT1G29820.2	Magnesium transporter CorA-like family protein	1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2	PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1	PF03759	AT1G52240.1	RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1	PF01535,PF13041	AT3G09040.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGUCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2	PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2		AT4G32920.2	glycine-rich protein	16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4		AT4G32920.1	glycine-rich protein	9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1	PF00725,PF16113,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3	PF00725,PF00378,PF02737	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2		AT3G49720.2		564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3		AT3G49720.1		540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3	PF14531	AT1G62400.1	Protein kinase superfamily protein	171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_4677873908	PF00917,PF13423,PF14533,PF12436	AT3G11910.1	ubiquitin-specific protease 13	3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4CB39468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2	PF01912	AT3G55620.1	Translation initiation factor IF6	748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR9676-5p	Traes_3B_5F0E1F6A4.1		AT1G52700.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	59	UGGAUGUCAUCGUGGCCGUACA	UGUACGGACAUGAUGACAUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3	PF00025	AT4G17530.1	RAB GTPase homolog 1C	576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.1		AT2G20585.3	nuclear fusion defective 6	155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.2		AT2G20585.1	nuclear fusion defective 6	155	175	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.3		AT2G20585.1	nuclear fusion defective 6	50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCCGGCGAGGG
tae-miR531	Traes_3B_879F704A0.4		AT2G20585.3	nuclear fusion defective 6	50	70	CGCUCGCCGGAGCAGCGUGCA	UCCGCGCUGCUCCCGGCGAGGG
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1	PF00804	AT3G24350.2	syntaxin of plants 32	575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3	PF02212,PF00350,PF01031	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2		AT1G53560.1	Ribosomal protein L18ae family	43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9		AT1G66650.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2	PF01217	AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1	PF00069	AT1G34300.1	lectin protein kinase family protein	88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2	PF13307,PF06733	AT1G79950.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2	PF00274	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1	PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A0097396.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A0097396.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6	PF05185	AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7		AT4G16570.1	protein arginine methyltransferase 7	835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA

EK F'nin devamı

tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2	PF07714	AT4G33950.1	Protein kinase superfamily protein	394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3	PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGUCUUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1	PF12171	AT2G02080.1	indeterminate(ID)-domain 4	583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1	PF02365	AT2G46770.1	NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D85913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D85913.1	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D85913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D85913.5	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D85913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D85913.6	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D85913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D85913.7	PF03219	AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D85913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D85913.8		AT5G05310.2	TLC ATP/ADP transporter	10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1	PF00657	AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2		AT5G03810.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGGCGCCGCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2		AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	140	160	UGAGCGGCGCCGCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2	PF11955	AT5G21970.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	194	214	UGAGCGGCGCCCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGCCGCCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3				1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGCAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3	PF04068,PF04034	AT5G10070.2	RNase L inhibitor protein-related	454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1	PF10250	AT1G04910.1	O-fucosyltransferase family protein	125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1	PF03703	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	191	211	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_623559688.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_623559688.1	PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2	PF08282	AT2G45790.1	phosphomannomutase	722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2		AT3G16990.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1		AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1	PF05562	AT1G29395.1	COLD REGULATED 314 INNER MEMBRANE 1	46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGGCGCCGCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUGCUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5		AT1G67250.1	Proteasome maturation factor UMP1	103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2		AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3	PF00009	AT5G60390.3	GTP binding Elongation factor Tu family protein	556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4	PF06964	AT3G10740.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1	41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D8I3A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1		AT1G04920.1	sucrose phosphate synthase 3F	387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2		AT1G07910.1	RNAligase	670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9		AT1G07910.1	RNAligase	358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA

EK F'nin devamı

tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1	PF02861	AT3G52490.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	269	289	UGAGCGGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGCCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3	PF00270	AT1G31360.1	RECQ helicase L2	950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1	PF00056,PF02866	AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1	PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3	PF00240,PF16487,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT5G43810.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4	PF00240,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5	PF00240,PF16488,PF08699,PF02170,PF02171	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6	PF02171,PF16486,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_500FF0B72.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUAUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR5062-5p	Traes_5AL_60D577E34.1	PF02171	AT2G27880.1	Argonaute family protein	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2	PF00400	AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1		AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.1				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.2				350	370	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5AL_8B87707C4.3				326	346	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1	PF16487,PF16488,PF08699,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	506	526	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1450	1472	AACCAAGGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2	PF08244,PF00251	AT1G55120.1	beta-fructofuranosidase 5	1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1	PF08699,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1		AT3G54630.1		914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2		AT3G54630.1		898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1	PF13041	AT3G22470.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4	PF00067	AT5G67310.1	cytochrome P450, family 81, subfamily G, polypeptide 1	338	358	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	PF07762			986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.1				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.2				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.3				473	493	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.4				608	628	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5BL_83D9CB7C3.5				497	517	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1	PF12695	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGGUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA

EK F'nin devamı

tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1	PF07762			461	481	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2	PF07762			34	54	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3	PF07762			392	412	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1	PF14570,PF03552	AT1G02730.1	cellulose synthase-like D5	1358	1378	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_26B51AAF8.1	PF02171	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGCUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9	PF03828	AT3G51620.2	PAP/OAS1 substrate-binding domain superfamily	41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1	PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1	PF00135	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	242	262	UGAGCGGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1	PF02171,PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3	PF16487,PF16488,PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4	PF02170	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5	PF02170	AT1G48410.2	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD09F306.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1	PF05001	AT4G35800.1	RNA polymerase II large subunit	1183	1204	CGGUUGGGGUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1	PF16488,PF08699,PF16486,PF02170	AT1G48410.1	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.1				461	481	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.2				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.3				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.4				485	505	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5086	Traes_5DL_CECECF832.5				101	121	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	AGUCAUGCCUUCCACCAAUGA
tae-miR5062-5p	Traes_5DL_F5D3E4763.1	PF02171	AT1G48410.3	Stabilizer of iron transporter SufD / Polynucleotidyl transferase	43	65	UGAACCUUAGGGAACAGCCGCAU	ACCAGGUUGUUCCCUGAGGUUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	158	178	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2	PF04535	AT5G44550.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	152	172	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3	PF00792,PF00613	AT1G60490.1	vacuolar protein sorting 34	1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1	PF03483	AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3	PF03484,PF03483	AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1	PF00503	AT2G23460.1	extra-large G-protein 1	59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4	PF03031	AT4G21670.1	C-terminal domain phosphatase-like 1	1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3		AT2G01440.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU

EK F'nin devamı

tae-miR1121	Traes_6AL_.7E70268F1.3	PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_.94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_.94CA6F0D8.5	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_4BB701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	2225	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2	PF02705	AT4G13420.1	high affinity K+ transporter 5	1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2	PF08263	AT1G17250.1	receptor like protein 3	120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3	PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_02806BEFA.2		AT5G21080.1	Uncharacterized protein	2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2	PF02358	AT5G65140.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1	PF00646	AT5G56820.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3	PF00366	AT5G23740.1	ribosomal protein S11-beta	215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13				2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				289	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2	PF00069	AT4G23270.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 19	842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3	PF05971	AT2G21070.3	methyltransferases	871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10	PF00063	AT1G04600.1	myosin XI A	1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14	PF12171	AT2G02070.1	indeterminate(ID)-domain 5	584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1	PF14541	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1178	1198	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2	PF14541,PF14543	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1016	1036	UGAGCGGCGCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1	PF00319,PF01486	AT3G57230.1	AGAMOUS-like 16	274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	155	178	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1	PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1	PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1	PF13041	AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7	PF14438,PF06741	AT3G14010.4	CTC-interacting domain 4	1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCCGGAAAUACUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_42644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_42644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_42644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_42644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_42644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_42644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_42644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_42644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2	PF12854	AT1G62670.1	rna processing factor 2	51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3	PF12854,PF13041	AT1G62670.1	rna processing factor 2	954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2	PF08263,PF07714,PF13855	AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU

EK F'nin devamı

tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1	PF02705	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1	PF08315	AT3G05070.1		52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1	PF06507	AT2G28350.1	auxin response factor 10	399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10				229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3				4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5				4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1	PF00657	AT5G45910.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2	PF00657	AT2G27360.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1	PF00400	AT2G47790.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1488	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1488	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCCUUAUAUUA
tae-miR5086	Traes_7AS_9E1AC3FE6.1				324	344	ACAUUGGUGGAAGGCGUGGUA	CGCCAUGGCUUCCACCAAUGG
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64AB0.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64AB0.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5	PF00635,PF00400,PF00069	AT1G79990.3	structural molecules	1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6	PF00635,PF00400	AT1G79990.3	structural molecules	975	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7	PF00635,PF00069	AT4G21410.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29	1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2		AT4G30080.1	auxin response factor 16	171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2	PF00249	AT5G61620.1	myb-like transcription factor family protein	913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	848	867	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1385	1404	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1148	1167	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4	PF00566	AT3G49350.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2	PF01105	AT1G09580.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1	PF10150	AT2G04270.2	RNAse E/G-like	117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2	PF06507	AT4G30080.1	auxin response factor 16	714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2	PF00400	AT1G15750.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1	PF02365	AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2		AT1G56010.2	NAC domain containing protein 1	296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11	PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.5	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3	PF01909,PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	1598	1617	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1157	1176	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8	PF04926,PF04928	AT4G32850.10	nuclear poly(a) polymerase	1079	1098	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9	PF04926,PF04928	AT4G32850.9	nuclear poly(a) polymerase	851	870	UGAAGUGUUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2		AT4G31430.3		1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4		AT3G21350.2	RNA polymerase transcriptional regulation mediator-related	99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU

EK F’nin devamı

tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5	PF00005	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3		AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2	PF16211,PF00125	AT3G54560.1	histone H2A 11	2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1		AT1G05060.1		33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5	PF00076,PF04059	AT1G29400.2	MEI2-like protein 5	2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK F'nin devamı

Triticum monococcum_Control_Root								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2				1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6				914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6				914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3				1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2				100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1134	Traes_1AL_AF222553D.2				568	591	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUCUCCUUGUUGUUGUUGUUGUUG
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1				1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12				96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1				557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E.1				101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1				2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1				225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1				121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2				369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2				591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1				37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1				63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1				47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1				3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6				623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU

EK F'nin devamı

tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2				516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2				976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2				109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1				858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2				858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3				822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7				76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1				794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2				620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1				522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1				623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1				37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1				346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1				991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1				680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2				606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1				121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1				493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1				553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1				753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1				1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1				1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1				288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1				455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2				455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2				703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1				680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2				672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3				633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2				1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2				1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG

EK F'nin devamı

tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2				889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1				21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2				2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1				1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1				538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2				538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3				448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1				30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1				84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1				389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2				88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3				88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2				497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1				116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2				116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1				164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6				1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2				448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5				468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8				305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1				9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2				225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2				843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2				792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4				786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2				105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1				1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA

EK F'nin devamı

tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1				392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2				39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2				1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1				4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2				4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1				917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1				177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2				66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3				12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1				429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1				429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1				725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1				763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2				725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2				763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2				16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4				9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1				1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1				1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3				1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3				1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2				564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3				540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1				171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2				177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3				171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8				3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1				789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13				102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2				748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3				576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1				575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA

EK F'nin devamı

tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3				1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3				1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2				43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1				1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2				1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3				1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4				764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5				752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6				731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7				710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9				356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2				228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1				88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2				1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2				71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2				2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3				71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3				2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1				786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2				795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1				684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10				10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3				37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7				10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6				1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7				835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2				394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2				558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3				558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1				46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1				583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1				1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1				693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1				557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA

EK F'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1				2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2				2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1				647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2				644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3				620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4				587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2				140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2				1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3				1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1				194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2				454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3				454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1				125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1				191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1				706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1				747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2				722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2				1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2				37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1				525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1				46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2				1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5				103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2				2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2				3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3				565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3				508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3				556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4				41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1				387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2				670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9				358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2				692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3				950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1				151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6				883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG

EK F'nin devamı

tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2				991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1				22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1				506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2				656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4				1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4				1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2				1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1				986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1				914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2				898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1				411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1				411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8				49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1				1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1				986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1				242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3				95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2				23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2				63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2				1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1				461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA

EK F'nin devamı

tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2				34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3				392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1				656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1				1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9				41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1				242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1				1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1				158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2				152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1				209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1				1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2				1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3				1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1				1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2				1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3				1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1				59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2				1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1				195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2				846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3				760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5				742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4				1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4				1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU

EK F'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3				15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3				497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5				1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5				1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1				2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2				1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2				120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK F'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3				1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2				2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2				278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1				1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3				215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3				761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2				35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3				35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13				2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1				87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2				763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2				842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2				884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3				871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10				1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14				584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1				1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2				1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4				1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4				1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2				421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1				155	178	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1				181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1				111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7				1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2				51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2				3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3				721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1				650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1				1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1				1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1				52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2				215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1				399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10				229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3				4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5				4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2				451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1				11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1				1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2				1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3				1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5				1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6				973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2				913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3				75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4				81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2				3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2				347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1				117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1				236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2				2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3				2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6				1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2				1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1				497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2				296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3				109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8				1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2				1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2				1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4				99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5				730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE044A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG

EK F'nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6				111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2				2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR5050	Traes_7DS_A9CCF5A83.5				297	317	UUGAACGACCUCACCAUGUCG	UGCCAUGAUGAGGUCGUUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1				33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5				2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK F'nin devamı

Triticum monococcum_Stress_Root								
miRNA_Acc.	**Target_Acc.**	**Pfam**	**Best-hit-arabi-name**	**arabi-defline**	**Target_start**	**Target_end**	**miRNA_aligned_fragment**	**Target_aligned_fragment**
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4				410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1AL_147CF243C.2				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1127b-3p	Traes_1AL_4A458DF14.2				1738	1758	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6				914	934	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1AL_51B1D5DBC.6				914	934	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR5049-3p	Traes_1AL_7D6DC73FC.3				1256	1276	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUUCUCCCUCCGAUCCAUAUA
tae-miR1128	Traes_1AL_968B97E50.2				100	121	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1134	Traes_1AL_AF222553D.2				568	591	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUCUCCUUGUUGUUGUUGUUGUUG
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1343	1364	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_1AL_B6931117F.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1301	1322	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_17306388F.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1135	Traes_1AS_4A925522B.4	PF13920	AT5G01960.1	RING/U-box superfamily protein	511	534	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR6197-5p	Traes_1AS_5DCFDC258.1				1353	1376	UCUGUAAACAAAUGUA--GGACG	ACUCCAACUACAUUUGUUUACAGA
tae-miR1137a	Traes_1AS_8912BD052.27				136	155	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.1				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.10				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.12				96	116	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.2				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.3				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.4				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.5				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.6				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.7				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.8				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_1AS_92A698B19.9				1761	1781	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1AS_A482D4FF9.1				557	577	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.1	PF13191,PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1AS_C7A8188D1.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9661-5p	Traes_1AS_D8E37233E.1				101	121	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	CCAAGUCCCUGCUCUACUUCG
tae-miR1128	Traes_1BL_087CA0963.1				2048	2069	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_1BL_0FDC38712.1				225	245	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_1BL_0FDC38712.1				121	141	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.2				369	389	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_1BL_54CD82AC3.3				267	287	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_1BL_89E785AAA.2				591	611	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAAGG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4		AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1				37	60	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACGAACCGGUGCUA
tae-miR1131	Traes_1BL_F01A87F44.1				63	84	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGGUAAUG
tae-miR1122b-3p	Traes_1BS_34C60A54E.1				47	67	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_1BS_566CEE7F6.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.1	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_1BS_70B733D34.2	PF13191,PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CAAUGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_7EC2BDE95.1				3430	3450	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_1BS_B0BB95B97.6				623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR7757-5p	Traes_1BS_CF1C4F54E.2	PF00931	AT1G09920.1	TRAF-type zinc finger-related	119	140	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGUUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU

EK F'nin devamı

tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4		AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6		AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR1137a	Traes_1DL_34A359364.2				516	535	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAAUUUUGUACUA
tae-miR1122a	Traes_1DL_38B88249C.2				976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				24	44	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				24	44	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1				67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_1DL_AEC2F3FB3.1				642	662	UGCCUGGCUCCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1122b-3p	Traes_1DL_B5E6E273B.1				35	55	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5175-5p	Traes_1DL_C1BE1742F.2				109	130	UUCCAAAUUACUCGUCG-UGGU	UUCAGCGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.1				858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.2				858	879	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_1DL_D391AE3DC.3				822	843	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	AAAUGAACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1128	Traes_1DL_E30609261.7				76	96	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCAGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1				794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2				620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR7757-5p	Traes_1DS_35EF41CCB.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	587	608	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR9674a-5p	Traes_1DS_F3DE3946F.1				522	542	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	AAAUGGAAGGAUCGAUGAUGC
tae-miR5049-3p	Traes_1DS_FA7FC5C3C.1				623	643	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1128	Traes_2AL_24A1BF00C.1				37	57	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR5049-3p	Traes_2AL_28B13CC56.1				346	366	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR1127a	Traes_2AL_4197D219B.1				991	1009	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGU
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.1				680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2AL_57BF37A86.2				606	626	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1				121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1				493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1133	Traes_2AL_673CA8FB2.1				553	575	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUGUGGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1				753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_2AL_979E96822.1				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2AL_979E96822.1				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR160	Traes_2AL_C70217249.1				1164	1184	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.1				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.2				620	643	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.4				611	634	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2AL_D2CC35E59.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR5384-3p	Traes_2AL_D79C9535C.1				1250	1270	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.10	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.2	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2AS_530CF4042.3	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2AS_6DCA4AADD.1				288	308	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR9664-3p	Traes_2AS_86633353C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_2BL_171777733.1				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2BL_171777733.1				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.1				455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BL_1BE5C9C71.2				455	475	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGGCGGCGGCGCGCGCA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2				703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.1				680	700	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.2				672	692	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_2BL_6AEE8AC28.3				633	653	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGUGACCUGCUUCUCCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_7141904F2.2				1058	1078	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2				1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.2				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.3				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.4				302	325	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG

EK F'nin devamı

tae-miR1134	Traes_2BL_8339D35AC.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1135	Traes_2BL_A4AE931B0.1		AT2G02090.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	1154	1177	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUCCGGAAUUACUUGUCGCAA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BL_FF8002798.2				889	909	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCGGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2BS_0EFFAAE28.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_257C5B0991.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2BS_5045C640C.5	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	240	260	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1				21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2				2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2BS_5CDCD5152.1				1	21	UCUUAUAUUAUGGGA-CGGAG	GUCCGAUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1				538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2				538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3				448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_2BS_67D862F4A.1				30	51	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUAAG
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_74269A4C5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_2BS_7AEB138EB.1				84	104	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F1.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_2BS_8281050F11.1				845	865	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GACCGUUCCUGCUCUACUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_2BS_A20CCBEC3.1				389	409	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.2				88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_2BS_B3A88F254.3				88	109	UACUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_2BS_C00FC92D4.2				497	515	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1				926	949	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	459	479	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2BS_DDF26C784.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	458	478	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.1				116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_2BS_EBCD10293.2				116	136	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGCCGACGGCGCGCUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8				752	772	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_2DL_10B2965EF.8				752	772	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8				795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_3C9129432.1				164	184	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_2DL_4481C0380.4				1	22	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACAUG
tae-miR1137a	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1791	1810	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1822	1842	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1137b-5p	Traes_2DL_4F8C87C42.5				1944	1964	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87C42.6				1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2				448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1130b-3p	Traes_2DL_8F04980F0.5				468	488	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCCUAAUAUAAGG
tae-miR1128	Traes_2DL_9AD532712.8				305	325	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	GUCCGGACGGAGGGAGUAGUU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1				9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_2DL_BE754F0C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.1				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.2				629	652	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.3				614	637	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.4				512	535	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.5				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.6				509	532	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.7				91	114	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.8				77	100	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_2DL_E8A7ABB5D.9				28	51	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	AUCUUCAUGGUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR160	Traes_2DL_EF12C0B89.2				225	245	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	UGGCAUGCAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.1	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	243	263	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_2DS_480CFDFE4.2	PF01637	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	259	279	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	CUACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR5049-3p	Traes_2DS_851973269.7				178	198	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUUCAUAUU
tae-miR1122b-3p	Traes_2DS_9B301D4F8.2				843	863	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.2				792	814	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR1123	Traes_2DS_C866A54F1.4				786	808	UCCGUGAGACCUGGUCUCAUAGA	UCUAUGAGACCAGGUCUCACGGG
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_2DS_C9635AFF7.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	105	125	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1				1609	1632	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGCCACGAACCGGUGCUA

EK F'nin devamı

tae-miR1133	Traes_3AL_30294D0A5.1				392	413	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUAGGACGGAGGGAGUAUUUG
tae-miR1133	Traes_3AL_386795528.2				39	60	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2				18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1137b-5p	Traes_3AL_7A4D34425.2				1006	1026	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	UAUCAUUUAUUCAGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.1				4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9EDE61D1.2				4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR5049-3p	Traes_3AL_CF1A4ACDE.1				917	937	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UCCCUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7				224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1133	Traes_3AL_FA6F160DF.7				142	164	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUCGGAACGGAGGGAGUAUAUU
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.1				177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.2				66	86	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3AS_2A0765E10.3				12	32	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1				429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR9674b-5p	Traes_3AS_6CB1DBD28.1				429	449	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGUAGGCUGGAUGAUGCUAG
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1				725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.1				763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2				725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR6197-5p	Traes_3AS_A466B9ECC.2				763	783	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GCUCUUACAUUUCUUUACAGA
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.2				16	37	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1133	Traes_3AS_A6D3DD27E.4				9	30	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUGUG
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.1				1652	1672	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.1				1652	1672	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3AS_AA474B823.3				1397	1417	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_3AS_AA474B823.3				1397	1417	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUGAGA
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1				101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.2				564	584	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3AS_D7F2F36BB.3				540	560	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.1				171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.2				177	197	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR5200	Traes_3B_0E2173F88.3				171	191	UGUAGAUACUCCCUAAGGCUU	UUCCCUUAGGAAGUAUCUACA
tae-miR9652-5p	Traes_3B_119F6A405.1				589	610	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	189	209	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_3B_224A6B7E5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	188	208	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_467787390.8				3080	3100	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAAAAUAUAAGA
tae-miR9776	Traes_3B_470061369.1	PF00270	AT5G51280.1	DEAD-box protein abstrakt, putative	34	54	UUGGACGAGGAUGUGCAACUG	AAGUGGCACAUCCUCGUCGAA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1				789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.10		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.11		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.12		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.13		AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.2		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.3		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.4		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.5		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.6		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.7		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.8		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_4C839468C.9		AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1137a	Traes_3B_59B827C5C.2				748	767	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_5DD9C1BE5.1				71	91	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.1				113	134	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_5EFB9A61F.3				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_3B_6D2DCE280.3				576	596	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_3B_7FFF7BCF.1				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_3B_9D776A8C4.1				575	595	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8				6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.1		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.10		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA

EK F'nin devamı

tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.8		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_3B_F07C33521.9		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1128	Traes_3B_F61EDC1AE.3				1581	1601	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1127a	Traes_3B_F61EDC1AE.3				1577	1595	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR1130b-3p	Traes_3B_FB51F185F.2				43	63	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.1				1544	1564	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.2				1499	1519	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.3				1433	1453	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.4				764	784	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.5				752	772	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.6				731	751	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.7				710	730	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.8				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR164	Traes_3B_FD8ACC50C.9				356	376	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	CGCACGGGCCCUGCUUCUGCA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_2B3694DC3.2				228	248	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAAAUU
tae-miR1130b-3p	Traes_3DL_426EF6A68.2				214	234	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCAUCCCGUAAUAUAAGA
tae-miR7757-5p	Traes_3DL_5C0BC5611.4				89	110	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUAGCUGAAGGUUUUGU
tae-miR1137a	Traes_3DL_96847DCCF.1				88	107	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR5049-3p	Traes_3DL_D1CF4784D.2				1646	1666	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUAAUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.2				71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2				2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_3DS_1DE20CFF3.3				71	91	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUACUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3				2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.1				786	806	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_3DS_D42FCD586.2				795	815	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4AL_13A3A40D3.1	PF13401	AT3G50950.2	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AGUGGAUAGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1135	Traes_4AL_158B970F4.1		AT1G50020.1		464	487	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCCGUUCCGAAUUACUCGUCGCAG
tae-miR5175-5p	Traes_4AL_158B970F4.1				532	552	UUCCAAAUUACUCGUCGUGGU	UCUGAGACGAGUAAUUUGGAA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C298D.1				684	707	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCAUGCCAUGAACCGGUACUA
tae-miR9778	Traes_4AL_2FC39B934.1	PF13191,PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR408	Traes_4AL_364F56EDB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_3A009739E.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10				10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3				37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7				10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.6				1324	1343	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4AL_40790E994.7				835	854	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1127b-3p	Traes_4AL_44E99BA01.2				394	414	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.2				558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86EB9.3				558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_6252B0BA0.1				46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1137b-5p	Traes_4AL_748BB4675.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.1				126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_4AL_79B47AF61.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGACAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_954AE4933.1				583	603	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1				1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1128	Traes_4AL_99942CBEA.1				693	714	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1122b-3p	Traes_4AL_99942CBEA.1				557	577	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCUUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	693	713	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4AL_A4B73CC6A1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	692	712	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.1				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.5				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.5				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.6				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.6				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.7				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.7				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AL_C55D89913.8				10	30	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_4AL_C55D89913.8				10	30	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA

EK F'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_4AL_C9E08C423.5				69	89	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	CUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.1				2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9782	Traes_4AL_D576D98B4.2				2	25	GUAUUAGGUUGGUCAAAUUGACGA	UCGUCAAUUUGACCAACCUAAUAU
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.1				647	667	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.2				644	664	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.3				620	640	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4AL_D8CCE0D2E.4				587	607	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR5384-3p	Traes_4AL_E60E5B7BA.2				140	160	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1130b-3p	Traes_4AS_0E2735576.2				977	997	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCUCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2				1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.2				1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR9674a-5p	Traes_4AS_AB9088E9B.3				1383	1403	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	UGAUGGUCAGAUGGAUGAUGC
tae-miR5384-3p	Traes_4AS_C7CBD4A47.1				194	214	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGGCGCGCACU
tae-miR1135	Traes_4AS_D533B306B.3	PF01485	AT2G16090.1	RING/U-box superfamily protein	1698	1721	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	CGAACCAGGAAUUACUUGUCGCAG
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.1				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR1131	Traes_4BL_178D6FFF1.2				167	188	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GGUUAGCCACGAACCGAUACUA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BL_29D8171E0.1				131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.2				454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_2D34597CF.3				454	474	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1128	Traes_4BL_37FDD905B.1				125	145	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAGGA
tae-miR5384-3p	Traes_4BL_3B7A98FD6.1				191	211	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCGACGGCGGGCGCGCACU
tae-miR9666a-3p	Traes_4BL_44010E331.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR1122b-3p	Traes_4BL_62355968B.1				706	726	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCUGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1				747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_D08D5FFB5.2				722	741	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_4BL_F3D5D7034.2				1	19	UAGUACAAAGUUGAGUCAU	AUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4BL_F3D5D7034.2				37	57	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_4BS_257C5B099.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_4BS_375EF1D15.1				235	255	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUUUUCUGUCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1				525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR9666a-3p	Traes_4BS_5419B1DE7.1				176	197	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGGCAUGAUACAGCCCUACCU
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.1				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.2				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR9661-5p	Traes_4BS_5EC01BC81.3				653	673	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	GGAGGUCUCUGCUCUACUUCC
tae-miR1122b-3p	Traes_4BS_6252B0BA0.1				46	66	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_4BS_B45729F4D.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	653	674	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR5384-3p	Traes_4BS_F1D7488B8.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2				1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DL_113F6DD2B.2	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	215	236	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUGGCUGAAGGCUUUAU
tae-miR5085	Traes_4DL_341830EFF.1				583	603	AAGGACAUUUUUUGUGGCCUG	GAGGACACAAAAAAUGUCGUU
tae-miR1133	Traes_4DL_529524815.5				103	127	CAUAUACUCCCUCCG-UCCGA--AA	UUAGUCGGAUCGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1130b-3p	Traes_4DL_84745919A.2				2964	2984	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCUGUCCCAUAAUAUAGGA
tae-miR1130a	Traes_4DL_84745919A.2				3016	3038	CCUCCGUCUCGUAAUGUAAGACG	UGUCUUACAUUAUGAGACGGAGG
tae-miR1128	Traes_4DL_93D4DED90.3				565	586	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUUGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1137a	Traes_4DL_93D4DED90.3				508	527	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUAUUA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DL_93D4DED90.3				556	576	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	GGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.2				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.3				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_28E6C4F21.4				61	81	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.5	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.6	PF00931	AT3G50950.1	HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_4DS_5B29EE3DD.7	PF00931	AT1G58390.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	824	845	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAUCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1130b-3p	Traes_4DS_9179FF158.4				41	61	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9778	Traes_4DS_B08D83A2F.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	UGGCGAGUUCCAGAUGAUGCA
tae-miR164	Traes_4DS_C08BF9DB2.1				387	407	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	UUCACGUGCCCUGCUUUUCCU
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.2				670	690	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1128	Traes_4DS_C22A101FE.9				358	378	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGAAGGGAGUAGUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2				692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR5384-3p	Traes_4DS_ECFDD82BA.1				269	289	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCCACGGCGGGCGCGCACA
tae-miR1137b-5p	Traes_4DS_EFE0451D7.3				950	970	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1128	Traes_5AL_3AB81DF9B.1				151	172	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.1	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.2	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.3	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.4	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.5	PF03106,PF12796,PF00931	AT2G31820.1	Ankyrin repeat family protein	583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_481F73E59.6	PF00931,PF03106	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	883	904	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG

EK F'nin devamı

tae-miR1127b-3p	Traes_5AL_7256A9F19.2				991	1011	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR1122b-3p	Traes_5AL_7FF780810.1				22	42	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.1				368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.2				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.3				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.4				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.5				2324	2345	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AL_B4E8A3115.6				368	389	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR9652-5p	Traes_5AL_C9236F111.1				778	799	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR5384-3p	Traes_5AS_A928BA201.1				506	526	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CAUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	524	545	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5AS_BDFB08E23.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUUGCUGAAGGUUUCAU
tae-miR1128	Traes_5AS_E1F692526.2				111	132	UACUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1130b-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UCUU-AUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_5AS_E1F692526.2				40	61	UC-UAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUUAAGA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.1				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_5AS_E5FD82E36.2				656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4				1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1125	Traes_5AS_EC41EF7CA.4				1450	1473	AACCAACGAGACCAACUGCGGCGG	CCGCCGCAGUCGGUCUCGUUGGUU
tae-miR408	Traes_5BL_0212ACBD9.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR1137a	Traes_5BL_0EC4788EF.2				1543	1562	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACCCAACUUUGUACUA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_0F64FDA44.1				583	604	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1				986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.1	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1799	1820	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_1E751EF1F.5	PF00931,PF03514	AT1G50600.1	scarecrow-like 5	512	533	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUUGCUGAAGGUUUUAU
tae-miR5049-3p	Traes_5BL_4BFE76791.5				416	436	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUGCUCCCUCUGAUCCAUAUU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.1				914	934	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR1127b-3p	Traes_5BL_5E94C243F.2				898	918	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCUGUCCUGAAAUACUUGU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1				411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_5BL_6216A6108.1				411	431	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.1				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.2				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.3				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_6240DE6BA.4				338	358	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCUUCGACGGCGCCGGCGCUCG
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8				49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1				1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR408	Traes_5BL_7486582EB.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CGCAGGGAAGAGGCAGUGCCA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1				986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.2	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	2096	2117	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.3	PF00847,PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_7F0FD1538.4	PF00931	AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1379	1400	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAAGUUUUAU
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	802	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3				67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BL_AD734CCEF.1				242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGGCGUUCA
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_5BL_D27214492.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	237	257	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.1	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.2	PF00069	AT3G55950.1	CRINKLY4 related 3	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.4		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.5		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BL_DD4C9F446.6		AT3G46710.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	62	83	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.1				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.2				98	118	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9661-5p	Traes_5BL_E0C2C7D72.3				95	115	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCGUCUCCCUGCUCUACUUCA
tae-miR9652-5p	Traes_5BL_FC199BC2D.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR1122b-3p	Traes_5BS_321AF7B69.2				23	43	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2				63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1337	1358	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_3FFCC89AD.2	PF00931	AT3G46730.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1298	1319	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUUGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1118	Traes_5BS_550BDEE86.2				1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.1				461	481	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA

EK F'nin devamı

tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.2				34	54	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_90796C6CA.3				392	412	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUACGAUGGCGGCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5BS_9F043AE17.1				656	676	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR5384-3p	Traes_5BS_BA0400E10.1				1358	1378	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CCGACGACGGCGGCGGCGCUCC
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1340	1361	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.3	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1307	1328	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_BCEA0112C.4	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR408	Traes_5BS_E10756355.1				2512	2532	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	GCCAAGGAAGAGGCUGUGCAG
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	779	800	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5BS_F5AFB24CD.4	PF00931	AT5G43470.2	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	371	392	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GGUGGAUAGCUGAAGGUCUUAU
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3				382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.1	PF00931,PF03106	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.2	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.3	PF03106,PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.7	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DL_1733FB4DA.8	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	617	638	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAGCUGAAGGAUUUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_5DL_4E67E0243.9				41	61	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_714CCB5BC.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9662a-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	411	431	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGUGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DL_7643B2ADB.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	410	430	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGUGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DL_78767F75C.1				242	262	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UCUUCCACGGCGGCGCGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_5DL_799647EA7.4				65	85	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCCUCCGUUCCAUAUU
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.1				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.2				412	433	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.3				415	436	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.4				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_8DE6C67FA.5				400	421	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR408	Traes_5DL_90BD9F306.1				8	28	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGAAGAGGCAGUGCAG
tae-miR9666b-3p	Traes_5DL_9101D5AEC.1				1183	1204	CGGUUGGGCUGUAUGAUGGCGA	AGUCCAUCAUACAGCCCAACAA
tae-miR1130b-3p	Traes_5DL_A6EECBC04.1				376	396	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AUUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR9652-5p	Traes_5DL_B3713A4D1.1				940	961	CCUGUUUGUCAUUAAGUUUCUU	AAGAAACUGAAUGACAAGCAGG
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_0479C6E0F.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	383	404	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCUGAAGGUUUGAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	243	263	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_094A03C13.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	262	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.1				158	178	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR5384-3p	Traes_5DS_149714893.2				152	172	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	CGUUCGUCGGCGUCGCGCUCA
tae-miR164	Traes_5DS_511F35A45.1				209	229	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.1	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1349	1370	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_8DB03B7DA.2	PF00931	AT3G07040.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	128	149	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	GAUGGAUCGCGGAAGGUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.1	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.2	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR7757-5p	Traes_5DS_9DFE4D217.3	PF00931	AT1G53350.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	185	206	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGGUAGCUGAAGGUUGUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	441	461	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	440	460	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_9F4A5AE9F.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.1				1777	1797	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.2				1882	1902	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_9F8FFD461.3				1801	1821	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.1				1065	1085	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.2				1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122b-3p	Traes_5DS_A6AE32DCD.3				1146	1166	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	429	449	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_5DS_C87840EBA.2		AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	428	448	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1128	Traes_5DS_D165422B3.1				59	80	UACUACUCCCUCCG-UCCGAAA	UUUAGGAACGGAGGGAGUAGUA
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2				1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR160	Traes_6AL_232AF0B76.1				195	215	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2				846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3				760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5				742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF.4				1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU
tae-miR5049-3p	Traes_6AL_36AE1B4CF1.4				1787	1807	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGACCCAUAUU

EK F'nin devamı

tae-miR5049-3p	Traes_6AL_6AD463C67.3				15	35	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	GUACUCCUUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3				497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122b-3p	Traes_6AL_94CA6F0D8.5				1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCAUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5				1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_0A204AEC9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_1496A7825.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_15C1E6F18.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_2BDC1663A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2				292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	687	707	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_3641B9C871.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	686	706	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.2				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_36EAEADDD.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	ACGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_48B701BB41.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CACGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.1				2223	2245	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR1138	Traes_6AS_5F8725CDA.2				1969	1991	GCUUAGAUGUGACAUCCUUAAAA	AGUUAGUUAUGUCACAUCUAAGC
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	81	101	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_6612DF8D7.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	80	100	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.6		AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_8D2111A83.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6AS_8E6E52967.2				120	140	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK F'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	465	485	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	464	484	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_A2EAE01C1.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	375	395	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_B24138E62.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	374	394	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	378	398	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EBADF37C7.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	377	397	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	420	440	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	419	439	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE73C76541.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	462	482	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	461	481	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	510	530	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_EE8BA0A57.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	509	529	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6AS_F5DBB6DBD.3				1927	1947	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCCUCCAAUCCAUAUU
tae-miR9662a-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	681	701	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6AS_FBBCFBCB0.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	680	700	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_028068EFA.2				2801	2821	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR6197-5p	Traes_6BL_67725F06B.2				278	298	UCUGUAAACAAAUGUAGGACG	GAACCUCCAUUUGUUUACAGG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BL_731ED1C4C.1				1020	1040	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	UCUCCGUCCAAAAAUACUUGU
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_7BD68BAC2.3				215	235	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3				761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_6BL_887005D55.2				79	99	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAUA
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2				35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3				35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_1AFDF35E5.3				171	191	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CUUUCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	396	416	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_28F0D2955.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	395	415	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2AC6A2287.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	435	455	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_2F108C5BB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	434	454	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.13				2	22	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.15				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.17				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.19				11	31	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.2				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.3				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.5				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.6				14	34	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.8				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR408	Traes_6BS_348308070.9				17	37	CUGCACUGCCUCUUCCCUGGC	CCCAGGGCCGAGGCAGUGCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_3A00751B5.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_46641470F.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_4E6E57FEB.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_508C2BEA2.1				32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGUUCUGGGAUGUUCG
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1				283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2				349	369	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6BS_7965FEB75.1				87	107	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCGUAUAUAUAAGUCU
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_7F1846171.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	267	287	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_82F5BF11F.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	266	286	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	69	89	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_843505CB3.7	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	68	88	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1127b-3p	Traes_6BS_94CE86A01.2				763	783	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	AAUCCGUUCAGAAUUACUUGU
tae-miR1127a	Traes_6BS_94CE86A01.2				842	860	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.5	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_97770F04E.6	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.2				884	903	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_6BS_A4F1E63CE.3				871	890	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1128	Traes_6BS_BF5C480A9.12				60	80	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	57	77	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CUGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_C3247654A.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	56	76	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCUGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.4	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.5	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGCCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_CBD931158.6	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	204	224	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	203	223	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	198	218	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6BS_F8176B2AA.3	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	197	217	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR5049-3p	Traes_6DL_1E6A51BD3.10				1321	1341	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	AUACUCCCUCCGAUCCAUAAU
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_244C908B5.14				584	604	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.1				1178	1198	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR5384-3p	Traes_6DL_5282E0007.2				1016	1036	UGAGCGCGCCGCCGUCGAAUG	UGUUCGACGGCGGCGCGGUCG
tae-miR1122b-3p	Traes_6DL_84E14AD8D.4				1030	1050	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4				1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2				421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR444a	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR444b	Traes_6DL_D1C1DBD34.1				274	294	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GCAGCAAGCUUGAGGCAGCAA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1				155	178	UAGUACCGGUUCGUGGCACGAACC	GGUUCGUGGCACAAACCGGUACUA
tae-miR1131	Traes_6DL_E940A7985.1				181	202	UAGUACCGGUUCGUGGCUAACC	GAUUCGCCACGAACCGGUACUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9BB546D.1				111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	480	500	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUCUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_0E84AAF77.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	479	499	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGCUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_1BEF46735.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR1127b-3p	Traes_6DS_2207A3BC4.7				1729	1749	ACAAGUAUUUCUGGACGGAGG	CCUCCGUCCGGAAAUACUUGU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	369	389	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_2D4EFFF3E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	368	388	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	525	545	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3F194116E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	524	544	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	242	263	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	241	262	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	86	UUGAACAUCCCAGAGCCAC-CG	CGCGUGGCUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_3FC2ADA87.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	64	85	UGAACAUCCCAGAGCCAC-CGG	CCGCGUGGCUCUGGGAUGUUCA

EK F'nin devamı

tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	468	488	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	467	487	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.3	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_422644406.4	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4				271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.1				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.2				51	71	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9674a-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				954	974	GCAUCAUCCAUCCUACCAUUC	GAAUGGAAGGAUAGAUGAUGC
tae-miR9674b-5p	Traes_6DS_7C389C178.3				537	557	AUAGCAUCAUCCAUCCUACCC	GGGCCGAAUGGAUGAUGCUAU
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_7D3BEF6A9.3	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	549	569	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	548	568	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	132	152	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_893F318A9.2	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	131	151	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.1	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	288	308	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.2	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.3	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.4	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	273	293	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_931C28AF6.5	PF02536	AT1G79220.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	276	296	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	AUGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA226.1				503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_93C7DA2261.1				503	523	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGCUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	471	491	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	470	490	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_A490DF33E.2	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR1122b-3p	Traes_6DS_C1B7F14A41.2				3044	3064	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2				88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3				64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				75	95	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCGGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_CF627A1BC.1				74	94	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCGGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	477	497	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGAAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_DAD8BEF41.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	476	496	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGAAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E352D66A4.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	450	470	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGGGAUGUUUAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_E95930B7D.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	449	469	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGGGAUGUUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	66	86	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	UCGUGGGCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_EF75D5C67.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	65	85	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CUCGUGGCGCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	657	677	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGUUCUGGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_F6C7E588F.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	656	676	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGUUCUGGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.1	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR9662a-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	246	266	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUCGGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_6DS_FB434BB3C.2	PF02536	AT5G64950.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	245	265	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUCGGAUGUUCA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3				721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR164	Traes_7AL_628A69311.1				650	670	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AL_955F54182.1				1141	1161	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AL_955F54182.1				1141	1161	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1133	Traes_7AL_ADBB1224B.1				52	73	CAUAUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUCCGGACGGAGGGAGUAUAAU
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.1				653	673	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7AL_BE3253C8F.2				215	235	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR160	Traes_7AL_E3ADC8C38.1				399	419	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.10				229	250	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.3				4948	4969	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.4				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.5				4393	4414	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.6				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7AL_EE3CD1CF3.8				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGGCGA	UCCCCGUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.1				844	864	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_0F0291904.2				451	471	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	ACUCAUCUAUUCUGGGACGGU
tae-miR1137b-5p	Traes_7AS_23DFA827E.1				11	31	UCCGUUCCAGAAUAGAUGACC	AGUCAUCUAUUUUGGAACGGA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1				1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2				1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3				1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	AAUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1				1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.1	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	377	398	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR7757-5p	Traes_7AS_E43D64A80.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	1424	1445	AUAAAACCUUCAGCUAUCCAUC	AAUGGAUAACUGAAGAUUUUAU
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2				358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3				331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.1				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.2				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.3				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.4				1513	1534	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.5				1399	1420	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.6				973	994	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR9654a-3p	Traes_7BL_03C3797A2.7				1813	1834	UUCUGAAAGGCUUGAAGCGAAU	GAGGGCCUCAAGCCUUUCAGAA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1122c-3p	Traes_7BL_0665E8707.6				46	66	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGU
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.43				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.44				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR1133	Traes_7BL_07C4E8081.45				46	67	CAUAUACUCCCCUCCGUCCGAAA	UUUCGGACGGAGGGAGUAUAUG
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.1				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7BL_18D335F08.2				171	191	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1137a	Traes_7BL_C184D0525.2				913	932	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.1				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.10				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.11				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.12				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.13				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.14				848	867	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.2				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.3				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.4				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.5				1385	1404	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.6				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.7				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.8				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7BL_DC0D8773C.9				1148	1167	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR164	Traes_7BL_F1A0270C6.1				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				5050	5071	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.1				4966	4987	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				5011	5032	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4780	4801	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.3				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCCCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7BL_F8D5E60B1.4				3325	3346	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.3				75	94	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1137a	Traes_7BS_2A6C29F49.4				81	100	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	AGUGUCUCAACUUUGUACUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1268	1288	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1268	1288	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2				1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1265	1285	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1265	1285	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3				1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	33	53	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7BS_598310C32.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	32	52	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2				3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1137a	Traes_7BS_6716D1D07.2				347	366	UAGUACAAAGUUGAGUCAUC	GAUGACUCAACUUUGUACUA
tae-miR9781	Traes_7BS_A42F893FC.1				117	137	UUUUGUCACAUAUAAUACAUA	UAUGUAUUUUAUGUGACAAAA
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.1	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.2	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	102	122	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU
tae-miR9664-3p	Traes_7DL_101A9F756.3	PF00931	AT1G58807.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	231	251	UUGCAGUCCUCGAUGUCGUAG	GCACGACAUCGAGGAUUGCAU

EK F'nin devamı

tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.1				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				244	265	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.11				139	160	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				250	271	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.12				145	166	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				201	222	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.14				96	117	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.2				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4969	4990	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.3				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.4				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.5				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				5032	5053	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.6				4927	4948	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4801	4822	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.7				4696	4717	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3409	3430	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.8				3304	3325	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2941	2962	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCCUCAUACAGCCCUACCU
tae-miR9666a-3p	Traes_7DL_18F2A8567.9				2836	2857	CGGUAGGGCUGUAUGAUGGCGA	UCGCCAUCAUACAGCCCUACUU
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.1				236	256	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_1E343B6E6.2				32	52	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR1135	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	954	977	CUGCGACAAGUAAUUCCGAACGGA	UCUGUUCGGAAUUACUUGUCGUAG
tae-miR1127a	Traes_7DL_20BFD8A19.4	PF00145	AT4G19020.1	chromomethylase 2	1032	1050	UCCUUCCGUUCGGAAUUAC	GUAAUUCCGAACGGAGGGA
tae-miR9778	Traes_7DL_31A23053A.1				132	152	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	CCUCGAGUUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2				2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3				2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6				1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.1				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.2				143	163	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.3				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.4				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR9661-5p	Traes_7DL_55AC0BE09.5				116	136	UGAAGUAGAGCAGGGACCUCA	UCAGGUCCCUGCGCUACUUCG
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.1				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR160	Traes_7DL_55ADB3528.2				714	734	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	AGGCAUACAGGGAGCCAGGCA
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.1				2562	2585	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1134	Traes_7DL_5E2559796.2				2556	2579	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	UUGUUGUUGUUCUUGUUGUUGUUG
tae-miR1122b-3p	Traes_7DL_613007B24.2				1492	1512	AGACUUAUAUGUAGGAACGGA	UCCGUUCCUAAAUAUAAGUCU
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.1				497	517	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR164	Traes_7DL_91CFE828F.2				296	316	UGGAGAAGCAGGGCACGUGCA	AGCAAGUGCCCUGCUUCUCCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.2	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DL_9F0AD190A.3	PF00931	AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGGCGAGUUUGAGAUGAUGCA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3				109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.1				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.10				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.11				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.12				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.2				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.3				1598	1617	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.4				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.5				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.6				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.7				1157	1176	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.8				1079	1098	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR395b	Traes_7DL_CB073ADC6.9				851	870	UGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUUCACCCAAAAACUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2				1271	1291	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DL_CF6AABA1F.2				1271	1291	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1128	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				96	116	UACUACUCCCUCCGUCCGAAA	UUUGGGACGGAGGGAGUAUUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4				23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_06CD5BBFB.4				99	119	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCCGAUCCAUAUU
tae-miR1134	Traes_7DS_205267E87.1				92	115	CAACAACAACAAGAAGAAGAAGAU	CUGUUCUUCUUCUUGUUGUUGUCU
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_25B02BA46.5				730	750	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUCCCAUAAUGUAAGA
tae-miR1133	Traes_7DS_25F082B1E.8				19	41	CAUAUACUCCCUCCGUCC-GAAA	UUUCCGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	561	581	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG

EK F’nin devamı

tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_2B1FE04A6.1	PF02536	AT5G07900.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	560	580	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1				80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1130b-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				37	57	UCUUAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1122c-3p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				37	57	UCUAAUAUUAUGGGACGGAGG	CCUCCGUUCCAUAAUAUAAGA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3				80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR9662a-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	285	305	UUGAACAUCCCAGAGCCACCG	CCGUGGCUCUGCGAUGUUCAG
tae-miR9662b-3p	Traes_7DS_5B1210681.1	PF02536	AT1G21150.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	284	304	UGAACAUCCCAGAGCCACCGG	CCCGUGGCUCUGCGAUGUUCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.1	PF00931	AT1G50180.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.2	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.3	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.4	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.5	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR9778	Traes_7DS_74534FCD3.6	PF00931	AT3G46530.1	NB-ARC domain-containing disease resistance protein	111	131	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	AGACGAGCUGGAGAUGAUGCA
tae-miR1133	Traes_7DS_98F9E4E55.2				2	24	CAUAUACUCCCUCCGUCCGA-AA	UUAUGGGACGGAGGGAGUAUAUA
tae-miR5050	Traes_7DS_A9CCF5A83.5				297	317	UUGAACGACCUCACCAUGUCG	UGCCAUGAUGAGGUCGUUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1				33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.1				1609	1630	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR9775	Traes_7DS_D4DFDF981.2				1702	1723	UGUGCGCAAUAAGAUUUUGCUA	GUGCAUGAUCUUAUUGCGCACA
tae-miR156	Traes_7DS_DBB29C7CD.1				359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR5049-3p	Traes_7DS_EFB144315.5				2298	2318	AAUAUGGAUCGGAGGGAGUAC	UUACUCCCUCUGAUCCAUAUU

EK G Yüreğir-89, Kızıltan-91 ve Siyez' e ait yaprak ve kök dokularında kontrol ve stres uygulamasından sonra miRNA' ların degradom analizi ile belirlenen hedef genleri, bunların annatasyon bilgileri, PFAM numaraları, en iyi Arabidposis ve çeltik gen karşılıkları ile miRNA ve hedef genlerinin istatistiki bilgileri

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Pfam	Best-hit-arabi-name	arabi-defline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1039150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	522	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	-		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1356	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508D0E86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D1233D4D.2	-		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	35	57	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_975E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAGUGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGAUCAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	65	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACAGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_975E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	792	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G22140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G22140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	23	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8			PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390			-	-	1020	1040	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAACGUCUUAUAUUAUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1308	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G13340.1	myosin heavy chain-related	88	108	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G13340.1	myosin heavy chain-related	88	108	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2ED03C661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F121609E.8	-			-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400E83C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400E83C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400E83C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EFF0AF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_E7D268F13	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77FB8.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_3B8B8249C.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G42960.1	Protein kinase superfamily protein	976	995	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	813	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	630	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_B44ZCB012.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73890.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8CB7C42.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516510		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-			-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED8561D1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED8561D1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_472072804.1	-		PF04874,PF01778	AT1G23280.1	MAK16 protein-related	789	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAGGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39900.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_623559688.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1029920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_B8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B9186ED8.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	49	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGAAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94C46F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7F9C131F4.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G25660.1	Homeodomain-like superfamily protein	761	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1684140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D9B8546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G50520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135129885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3'-5'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2105	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603082_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_AA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G50060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110			-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	498	518	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	503	523	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	487	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640			-	-	293	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640			-	-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F50663DF7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380			-	-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180			-	-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860			-	-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860			-	-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860			-	-	331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29C7CD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240			-	-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a<tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 108	488	508	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3'TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 108	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 108	488	508	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 108	410	430	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 108	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 108	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759			-	-	101	121	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1			PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2			PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A2994BB.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A2994BB.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a<tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 108	488	508	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3'TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 108	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 108	488	508	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 108	410	430	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 108	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 108	512	532	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759			-	-	101	121	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1			PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2			PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A2994BB.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A2994BB.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAAGUGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8			PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03CBEF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03CBEF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910		-	-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	493	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_2DL_B0B9E9C2C.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G45290.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728B4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B91B6ED8.1	-		PF07762	-	-	984	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220		-	-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	65	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-		-	-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-		-	-	-	485	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-		-	-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1159	1179	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1159	1179	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	331	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29C7CD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
ae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUUCGUUUCAUAAUUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAAGUGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BS_72EFF0AF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G37050.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED81.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	113	134	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	65	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
ae-miR156	Traes_7DS_D8B29C7CD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	339	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	838	858	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	838	858	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	838	858	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	838	858	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150		-	AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	-		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	-		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	-		PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUUCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	-		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470		-	AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470		-	AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910		-	-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF03092	AT1G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G45290.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500		-	AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1098	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F0C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1753	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED61.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED61.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728B4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3BS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED38.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B54ED.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2121	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220		-	-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090		-	AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-		-	-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-		-	-	-	485	505	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-		-	-	-	383	403	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		-	-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D87.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29C7CD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	339	359	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G24270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAAGUGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT1G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1BL_B0B9E0C2.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G29460.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	630	650	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F0C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1753	1783	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728B4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B91B6ED8.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B54ED.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2121	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	505	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	339	359	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29CFCD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A46689ECC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A46689ECC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77F88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G23200.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0B8B348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0G8B348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1758	1787	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED81.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56200.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2121	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	109	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	505	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1159	1179	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1159	1179	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	310	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29C7CD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUUCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8			PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT1G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8634B2.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G37290.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1112	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1753	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CF93.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED38.1	-		PF07762	-	-	984	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	65	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29CF3D.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150		-	AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4	-		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2	-		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2	-		PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	-		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470		-	AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470		-	AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910		-	-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A466B9ECC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_2DL_8B8B9C2C2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G45060.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
ae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500		-	AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F8C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED81.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2121	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220		-	-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090		-	AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-		-	-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-		-	-	-	485	505	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-		-	-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		-	-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1159	1179	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1159	1179	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	310	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29CFCD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	-		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910		-	-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77F88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G40300.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED38.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B54ED.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUG
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220		-	-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-		-	-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-		-	-	-	485	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-		-	-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29CFCD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUCCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAAGUGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8F82.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UGAGAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT1G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
ae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8634B2.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G45910.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1753	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DL_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B91B6ED8.1	-		PF07762	-	-	984	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	65	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	310	351	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29CFCD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.1	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
ae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04570.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
ae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGAGGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUUCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8FB2.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	TRIAE_CS42_4AS_TGACv1_308150_AA1026390		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C83C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UCAGAAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UCAGAAUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A0E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G45910.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_0688348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1117	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B91B6ED8.1	-		PF07762	-	-	984	1003	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B546D.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56520.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2121	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2090	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	805	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	505	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D87.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29C7CD.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_CF98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	mRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_CF98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK G'nin devamı

miRNA Acc.	Target Acc. (Old)	Target Acc. (New)		Plan	Best-hit-arabi-name	arabi-deline	Target start	Target end	miRNA aligned fragment	Target aligned fragment
tae-miR1117	Traes_1BL_F01A87F44.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032519_AA0130860		PF13359	AT2G13770.1	-	102	122	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_2BS_C5AF5419E.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_147872_AA0488500		-	-	-	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_3AL_018D4C27C.1	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_194276_AA0630100		PF07714,PF12819	AT3G51550.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_4AL_2475C29BD.1	-		PF07993	AT3G44540.1	fatty acid reductase 4	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1117	Traes_6DL_E940A7985.1	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526992_AA1696900		PF00854	AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	126	146	UGCAUCAUCUCGAACUCGUCG	GGACGAGCUCGAGAUGAUGCA
tae-miR1118	Traes_4BS_4BC02509F.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320441_AA1029150			AT3G43790.3	zinc induced facilitator-like 2	525	547	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCGUUCCAUAAUGUAAUG
tae-miR1118	Traes_5AS_EC41EF7CA.4			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1333	1355	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5BS_5508DEE86.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423557_AA1379410		PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1135	1157	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_5DS_F8D323D4D.2			PF00013	AT3G04610.1	RNA-binding KH domain-containing protein	1329	1351	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	CUCCUCCAUUCCACAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.2	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6BL_E14604962.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_499983_AA1596480		PF00076	AT5G51120.2	polyadenylate-binding protein 1	33	55	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UCCUCUGUUCCAUAAUGUAGUG
tae-miR1118	Traes_6DL_C9216369C.2			PF00891	AT5G54160.1	O-methyltransferase 1	421	443	CACUACAUUAUGGAAUGGAGGGA	UUGCUUCGUUUCAUAAUGUAGUG
tae-miR1120a	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	48	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120a	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	753	776	ACAUUCUUAUAUUAUGAGACGGAG	CUCCAUCCCAUAAUAUAAGAACGU
tae-miR1120b-3p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	25	45	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCCGUCCCAUAAUAUAAGAAA
tae-miR1120b-3p	Traes_2AL_673CA8F82.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_095371_AA0310130		PF04603	AT1G59680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	493	513	UUCUUAUAUUAUGUGGGACAGAG	CUCUGUCCCACAAUGUAAGAAC
tae-miR1120c-5p	Traes_1DL_6A91BC5A5.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062953_AA0222070		PF08652	AT4G17620.1	glycine-rich protein	67	87	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAACACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2AL_979E96822.1	TRIAE_CS42_2AL_TGACv1_096256_AA0318220		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BL_171777733.1	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_129372_AA0380780		PF00443	AT4G39370.3	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUAAAAAACGCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	21	41	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2BS_5C64FC44A.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145967_AA0451090		PF07714	AT4G23140.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 6	2	22	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_2DL_10B2965EF.8	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF00443	AT4G39370.2	ubiquitin-specific protease 27	795	815	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_4AS_0E2735576.2	-		-	-	-	1024	1044	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GACAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7AS_9819F7C48.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_571237_AA1846200		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1311	1331	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7BS_47B8FC9CB.3	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591893_AA1924780		PF01154,PF08540	AT4G11820.2	hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase	1306	1328	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03C8EF9.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUCUUAUAUUA
tae-miR1120c-5p	Traes_7DS_3C03C8EF9.3	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_624313_AA2060470			AT4G31340.1	myosin heavy chain-related	80	100	UAAUAUAAGAACGUUUUUGAC	GUCAAAAACGUCUCUUAUAUUA
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	538	559	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2BS_6249E432F.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145982_AA0451820		PF01426	AT4G22140.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_2DL_74E241841.2	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158744_AA0525290		PF01426	AT4G39100.1	PHD finger family protein / bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	448	469	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGUGUUUGGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AL_F2EDB3661.7	TRIAE_CS42_3AL_TGACv1_195384_AA0648910			-	-	224	245	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	CCUCCGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.1	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3AS_A4668B9CC.2	TRIAE_CS42_7BL_TGACv1_578471_AA1895550		PF13424	AT3G54360.1	zinc ion binding	725	746	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_3B_9F321609E.8	-		-	-	-	6	28	AGUAGUGAUCUAAACGCCUCU-UA	UAUAGAGCGUUUAGAUCACUAUU
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.10	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.3	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.1	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	37	58	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_400EB3C17.7	-		PF14259,PF00076	AT4G36690.4	U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	10	31	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUAAA
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.2	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UGAGAUGUUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_4AL_541C86E89.3	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288714_AA0956220		PF00076	AT1G21320.1	nucleotide binding;nucleic acid binding	558	579	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UGAGAUGUUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_5BL_72EF9DAF0.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF07690	AT5G59250.1	Major facilitator superfamily protein	1237	1258	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	846	867	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	760	781	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_23B31796F.5	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_405292_AA1324160		PF00230	AT3G53420.1	plasma membrane intrinsic protein 2A	742	763	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAAAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_6AL_7E70268F1.3	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_472185_AA1518720		PF00719	AT2G46860.1	pyrophosphorylase 3	497	518	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGCGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1121	Traes_7BS_5A8E77B88.2	TRIAE_CS42_7BS_TGACv1_591915_AA1925520		PF00664,PF00005	AT3G59140.1	multidrug resistance-associated protein 14	3478	3499	AGUAGUGAUCUAAACGCUCUUUA	UAAGAGUGUUUAGAUCACUACU
tae-miR1122a	Traes_1DL_B0B9E0C2.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_061422_AA0194810		PF00069	AT2G45060.1	Protein kinase superfamily protein	978	999	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	794	815	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_1DS_06B8348E0.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080416_AA0247560		PF03283	AT3G09410.1	Pectinacetylesterase family protein	620	639	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2AL_64B73E3ED.1	TRIAE_CS42_U_TGACv1_640952_AA2080500			AT2G20860.1	lipoic acid synthase 1	121	140	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_40442CE82.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130672_AA0415710		PF14392,PF00098	AT5G52380.1	VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 6	703	722	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_2BL_7141904F2.2	TRIAE_CS42_2BL_TGACv1_130855_AA0418870		PF03097	AT1G73390.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1088	1112	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_4F9C87CA2.6	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_158356_AA0516310		PF04499	AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1750	1769	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_2DL_B3CD23EBC.1	TRIAE_CS42_2DL_TGACv1_160125_AA0547140		PF05496,PF00004	AT1G03000.1	peroxin 6	9	28	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_5E5C8D264.2	-		-	-	-	18	37	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGACACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.1	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3AL_B9ED1ED1.2	-		PF06017	AT5G53310.1	myosin heavy chain-related	4	23	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_3B_4720728D4.1	-		PF04874,PF01778	AT1G22280.1	MAK16 protein-related	788	808	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DL_1DE20CFF3.2	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_3DS_1DE20CFF3.3	TRIAE_CS42_3DS_TGACv1_273962_AA0934030		PF01121	AT2G27490.1	dephospho-CoA kinase family	2	21	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_4AL_9726307FF.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288776_AA0957810		PF01926,PF06421,PF00679	AT5G39800.1	Small GTP-binding protein	1903	1922	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BL_62355968B.1	TRIAE_CS42_4BL_TGACv1_320457_AA1039920		PF00013	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein	747	766	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_4BS_F395A220A.2	TRIAE_CS42_4BS_TGACv1_328931_AA1095780		PF01595	AT2G14520.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1336	1355	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_4DS_E8239194E.2	TRIAE_CS42_4DS_TGACv1_362497_AA1180110		PF01394	AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	692	711	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_5BL_1B918ED38.1	-		PF07762	-	-	984	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_637A3C970.8	TRIAE_CS42_U_TGACv1_641764_AA2103660		PF01501	AT5G47780.1	galacturonosyltransferase 4	48	68	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BL_7821274AB.1	-		PF07762	-	-	986	1005	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCGAGUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_5BS_321AF7B69.2	TRIAE_CS42_5BS_TGACv1_423204_AA1370510		PF14416,PF13839	AT5G20680.3	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 16	63	82	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6AL_94CA6F0D8.5	TRIAE_CS42_6AL_TGACv1_473668_AA1532300		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6BL_7E9C131F4.3	TRIAE_CS42_6BL_TGACv1_502708_AA1626110		PF00249	AT5G52660.1	Homeodomain-like superfamily protein	763	780	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_6DL_84E14AD8D.4	TRIAE_CS42_6DL_TGACv1_526455_AA1694140		PF00067	AT1G31800.1	cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	1071	1090	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_6DS_0D98B54ED.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544814_AA1749450		PF00300	AT3G56200.1	Phosphoglycerate mutase family protein	111	130	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AL_135139885.3	TRIAE_CS42_7AL_TGACv1_556987_AA1774760		PF01138	AT3G07750.1	3\'-5\'-exoribonuclease family protein	721	740	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1473	1492	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7AS_9674F6981.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_569041_AA1805490		PF01031	AT1G10290.1	dynamin-like protein 6	1467	1486	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACAGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.2	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2102	2124	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.3	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	2091	2109	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_37135CE6E.6	-		PF00076	AT4G24270.2	EMBRYO DEFECTIVE 140	1241	1260	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAAAUACGGAUGUAUCAA
tae-miR1122a	Traes_7DL_C074DC1F6.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_602683_AA1965130		PF00141	AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	103	128	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	ACUACAUACGGAUGUAUAUA
tae-miR1122a	Traes_7DL_D5FCF9F33.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_603682_AA1987220			-	-	23	42	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1122a	Traes_7DS_CA61ECF35.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621682_AA2023090			AT1G05060.1	-	33	52	UAGAUACAUCCGUAUCUAGA	UCUAGAUACGGAUGUAUCUA
tae-miR1156	Traes_5BL_96D5EA4EE.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	825	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5BL_96D5EA4EE.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		PF03110	AT2G42200.1	squamosa promoter binding protein-like 9	803	822	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5BL_96D5EA4EE.3	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404123_AA1285110		-	-	-	67	87	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5BL_96FDFC152.1	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	508	528	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5BL_96FDFC152.2	TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_406028_AA1339440		PF03110	AT5G50570.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	490	510	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5DL_1272B4BAC.1	-			-	-	505	525	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5DL_1272B4BAC.2	-			-	-	485	507	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_5DL_1272B4BAC.3	-			-	-	382	402	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_6AS_32A35158A.1	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	736	756	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_6AS_32A35158A.2	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830		PF03110	AT5G50670.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	292	312	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_6AS_32A35158A.3	TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_432985_AA1396830			-	-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_6AS_99C6A3B08.1	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR1156	Traes_6AS_99C6A3B08.2	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA

EK G'nin devamı

tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.3	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1477	1497	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.4	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.5	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.6	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.7	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.3	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6AS_99C6A3B0B.8	TRIAE_CS42_6AS_TGACv1_485183_AA1539460		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1156	1176	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	283	303	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_542961EA4.2	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_513598_AA1645640				-	348	368	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6BS_F5063D7F7.1	TRIAE_CS42_6BS_TGACv1_514166_AA1656250		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1387	1407	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.2	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	1150	1170	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_7B1596298.4	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_543033_AA1734380				-	271	291	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.1	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180		PF03110	AT5G43270.1	squamosa promoter binding protein-like 2	577	597	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.2	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	88	108	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_6DS_C4D93239C.3	TRIAE_CS42_6DS_TGACv1_544038_AA1746180				-	64	84	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	CAUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.1	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	358	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.2	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	378	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7AS_FE67F9E86.3	TRIAE_CS42_7AS_TGACv1_570449_AA1835860				-	338	358	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR156	Traes_7DS_D8B29CF3D.1	TRIAE_CS42_7DS_TGACv1_621401_AA2014240				-	359	379	UGACAGAAGAGAGUGAGCACA	UGUGCUCUCUCUCUUCUGUCA
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159a	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159a	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.1	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: >tae-miR159a>tae-miR159b		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.2	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 3' TAACCTTACTTCCCTCGAGGT 5'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.3	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	:::: ::::::::::		AT2G32460.1	myb domain protein 101	488	508	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1AL_041EBB4A6.4	TRIAE_CS42_1AL_TGACv1_002945_AA0046600	miRNA: 5' TTTGGATTGAAGGGAGCTCTG 3'		AT2G32460.1	myb domain protein 101	410	430	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.1	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.2	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.2	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130		PF00249	AT5G06100.3	myb domain protein 33	839	859	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.3	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.3	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1BL_C98E922B.4	TRIAE_CS42_1BL_TGACv1_032297_AA0128130			AT5G06100.1	myb domain protein 33	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.1	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.2	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT2G32460.1	myb domain protein 101	512	532	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.3	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.4	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.3	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.5	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_1DL_25540DE53.6	TRIAE_CS42_1DL_TGACv1_062854_AA0220950			AT5G06100.2	myb domain protein 33	470	490	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCAUUCCAAU
tae-miR159b	Traes_3AL_F09C7CA19.1	TGACv1_scaffold_195431_3AL:27983-30773		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3AS_D1D1A1994.1	TGACv1_scaffold_211194_3AS:20466-21759				-	101	121	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	CAGAGCCCCCUUCAAACCAAA
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.1	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3B_25320ED72.2	-		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	956	976	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.1	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR159b	Traes_3DL_D9A29948B.2	TRIAE_CS42_3DL_TGACv1_253186_AA0893720		PF00249	AT5G06100.1	myb domain protein 33	620	640	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	UGGAGCUCCCUUCACUCCAAG
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.1	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_1DS_26F1546F6.2	TRIAE_CS42_1DS_TGACv1_080562_AA0250160		PF00168,PF07714,PF00069	AT1G63430.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	917	938	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.1	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G04270.2	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 40	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCCAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.2	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	959	980	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.3	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF00069	AT4G38830.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 26	947	968	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_2BS_47E2D6444.4	TRIAE_CS42_2BS_TGACv1_145841_AA0446340		PF07714	AT4G23160.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 8	221	242	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACCUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.1	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.7	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_4AL_85A7C60F9.8	TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_289513_AA0972380		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	170	191	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUGGACCUAAAACCUGCGAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.1	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.2	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.3	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.4	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinases;protein kinases;ATP binding;sugar binding;kinases;carbohydrate binding	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.5	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA
tae-miR5048-5p	Traes_7DL_AB7C59D49.6	TRIAE_CS42_7DL_TGACv1_604817_AA2001980		PF00069	AT4G21230.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 27	53	74	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	ACUUAGACCUAAAACCUGCAAA

EK H miRNA dizileme sonucunda tespit edilen diğer (novel) miRNA' lar

Id	Location	Maximum Free Energy	Count	Sequence
Triticum_aestivum-m0274	scaffold63107:17649:17745:+	-51.4	260	ATGTACTACTCCCTCCGTCCCATAATATAAGAGCGTTTTTGACACTAGTGTAGTGTGAAAAACACTTTTATATTATGGGACGGATGGGGCACTTATT
Triticum_aestivum-m0096	scaffold17930:23250:23347:+	-47.5	250	TATATACTACTCCTTCCGTTCCAAAATAAGTGTCATGGTATTGCTTCAATTTTGAACTAAAACCACAACAATTATTTTGGAACGGAGGGAGTATATGT
Triticum_aestivum-m0210	scaffold44267:164484:164581:+	-53.8	244	TCGTGCTACTACCTCCATCCCAAAATACAAGACGTTTTTGCAATTCAAAATTGAACTGCAAAAATGTCTTATATTTTGGGACGGAGGTAGTATAAATT
Triticum_aestivum-m0206	scaffold4358:32267:32393:+	-70.7	214	GAAAATACTCCCTCCGTCCGAAAATACTCGTCGGAGGAATGGATGTATCTAGACGTATTTTAGTTCTAGATACATCCATTTTTATGCATTTTTTCGACAAGTATTTCCGGACGGAGGGAGTAGATAG
Triticum_aestivum-m0334	scaffold89995:23755:23883:+	-69.3	211	GAATTATACTCCCTCCGTCCGGAAATACTTGTCGCAGAAATGCATAAAAACGGATGTATCTAGAACTAAAATACATCTAGATACATCCATTCCTTCGACAAGTATTTCCGGACAGAGGGAGTAGTAAAG
Triticum_aestivum-m0110	scaffold204306:2237:2323:-	-46.7	189	CATGGCCTGGTTCTGATGGCCATGGCCAAGGTCTCTTGAGGCTTGACCTTGAAGACTTTGGCCATGTCCATGGTGGCTATGGCATCT
Triticum_aestivum-m0137	scaffold26296:69585:69714:-	-61	184	CGTGAGAAAATGAAGCTGCAGCATGATCTGATGGAGCCAAAATTCCAAATATACAACCCCGCGCGATGGAACGCGTTTTCGGCTCGCATGCTGGACGAGCAGATCATGCTGGCAGCTTCAGTCTCTCACA
Triticum_aestivum-m0086	scaffold15947:23902:24002:+	-49.2	177	CATATTATAGTACACTCCCCGATCCATATTAATTGACATTGTTTTAGTATTGTACTAAAGCAGCGTCAATTAATATGGATTGGAGGGGGTAGCGTAGTTTC
Triticum_aestivum-m0109	scaffold20308:30882:31017:+	-75.16	174	CATTATACTCCCTCCGTCCAAAAATACTTGTGATCAAAATGGACAAAAAGGGATGTATCTAAAACTAAAATACATCTAGATACATCCCTTTTATCCATTTTGATGACAAGTATTTCCGGACAGAGGGGGTATATAT
Triticum_aestivum-m0095	scaffold17843:94320:94490:+	-71.1	158	TGCTACTCCCTCTGTTCCTAAATATAAGTCTTTTTAGACATTTCAAATGGACAACAACATTCGGATGTATGTAGACATATTTTAGAGTGTAGATTCACTCATTTTGCTTCGTATGTAGTCACTTGTTAAAATCTTTAGAAAGACTTATATTTGGGAACGGAGGGAGTAATT
Triticum_aestivum-m0234	scaffold50913:75849:75977:+	-72.12	156	CCTATATACTCCCTCCGTCCGGAAATACTTGTCGGAGAAATGCATAAAAATGAATGTATCTAGAACTAAAATACACCTAAATGCATTCATTCCTTCGACGAGTATTTCCGGACGGAGGGAGTATATAATAT
Triticum_aestivum-m0327	scaffold84033:36537:36780:-	-95.8	150	TCTGTATACAATTCTTATACTCCCTCTGATCCAAACTACTCCCTCTCTCATAATAAACGTTCTTATATTATTGAGACGAAGGGAGTATGCTCTTATATTATTCTCATAATAAACATTCTTATATTATGAGACGGAGGGAGTATGCTCTTATATTATGAGACGGAGGGAGTAATTGACGCAGCA GCTTTGGTACAACTTTGTACTGTGTCAATTAATTTGGATTGAAGGGAGTACATTTGGATAGG
Triticum_aestivum-m0032	scaffold114392:22850:22970:+	-57.3	145	TTACAATTTTAGTACTCCCTCCTATCCAAATTAATTGTCGCAGCTCTAGTACAACTTTGAACTAAAGTTGTACCGAAGATGTGACAATTAATTTGGATCTGAGGGAGTAGCAAAGTTTATG
Triticum_aestivum-m0168	scaffold32178:6857:7003:+	-61	145	CAAGTGTATTGGTTATCACTAATCAGTTACTCCTTCCGGAAATACTTGTCCGAAGAAATGAATACAAACGAATGTATCTAGAGCTAAAATACATCTAGATACATCTATTCCTCGGACAAGTATTTCCGGACGGAGGGAGTACATCTC
Triticum_aestivum-m0117	scaffold21600:35837:35939:-	-51.11	144	ATAACTAGACCCTTCGTCCCACATTATAAGATCGTTTTTCAAGCTATGTTAGCTTGAAAAATTGAAAAATTATCTTATACTGTGGGACGGAGGGAGTAGTAAA
Triticum_aestivum-m0243	scaffold53774:13250:13378:+	-70	140	GTTTTATACTCCCTCCGTCTCAAAATACTTGTCGGAGGAATGGATGTATCTAGACGTATTTTAGTTCTAGATACATCCATTTTTATGCATTTCTCCGACAAGTATTTCCGGACGGAGGAAGTATGTTGT
Triticum_aestivum-m0031	scaffold11414:50143:50278:+	-71.2	136	ATACGTACTTCCTCTGTCCGAAAATACTTGTCACCAAAATGGATAAAAATGATGTATCTAGAACTAAAATACGTCTAGATACATCTTCTTTTATCCATTTTTATGACAAGTATTTCCGGACGAAGGGAGTACTAGT
Triticum_aestivum-m0023	scaffold108601:37271:37349:-	-43.9	127	GAAATACTACTCCGTCTCATAGTATAAGAACGTTTTTCAAGCTTAACGTTCTTATACTATGGGACGGAGGGAGTACATG
Triticum_aestivum-m0062	scaffold13621:86260:86344:-	-42.8	127	AGCTAGCGCTTGGAAGTGGATGTGCAGCTGCCGGTCGTAGCTGAACGTCCTACCGCAGCTGCACATCCTCGTCCAAACTCTAACC
Triticum_aestivum-m0049	scaffold12418:321277:321570:-	-99.9	124	GTCACTTGGGCTTGGATTGGAGGGAGCAGTGTTGCGCAGAGACTTGGGAGTAGATGGATTGAGTGGTGGGGCTATACTAGCAAGTAGTTGTACGTACTAGTACAATAGTGCCTCACATAGCAATTTTGTCTCATGCAAGAGCCTGGCTATATGCGTGCTCCAATGTTCGCTACTGC AACGTTCGGTTTGCGCTTGGCTCTTCGCCTCTTCGAGAAGACGAACAATGATGTTACTACTACTGCTTCTACAGTGTCGAATCCACTACTGCATGTCCGTCCACCGCGAGCGGGACA
Triticum_aestivum-m0067	scaffold14333:26343:26644:+	-146.7	117	TGTGTGGAAGTTGACAGAAGAGAGTGAGCACCCATGGTGTTTCCTTAGCATCAAGGGGCATGCCAGGGAGCTATGCGTGCTCACTGCTCTATCTGTCAGCCACTGATCAGACCCCGTTTCTTGCATGTAATCACATATCCTAACTAGGGTTTATGCAGGTCTCCATGATCGGCAGCAG AGGGAGGGAGCTGGGCTTTGGAGGTCTGACAGAAGAGAGTGAGCACACGCGGTGGTTTCCTAGCATGCGAGCGCCATGCTGGGAGCTGCGCGTGCTCACCCTCTCTCTGTCAGCCATTCACCAT
Triticum_aestivum-m0240	scaffold52601:21024:21198:+	-74.3	117	AGTACTACTCCCTCCATTCCTAAATATAAGTCTTTTTAGACATTTCAAATGGACAACAACATACGGATGTATATAGACATATTTTAGAGTGTAGATTCACTCATTTTTCTATGTATGTAGTCACTTGTTAGAATCTCTAGAAAGACTTATATTTGGGAACGGAGGAAGTAGTACA
Triticum_aestivum-m0046	scaffold12253:7724:7892:+	-98.4	114	GAAATACTCCCTCCGTTCCTAAATATAAGTCTTTTTAGAGATTACACTATAGACTACATACGGAGCAAAATGAATGAATCTACACTCTAAACTATGTATATATACATCCGTATGTAGTTTGTAGTGAAATCTTTAAAAAGACTTGTATTTAGGAACGGAGGGAGTATTT
Triticum_aestivum-m0116	scaffold213774:35228:35348:+	-63.7	113	TTGTTACTTGTTCCTAACTACTCCCTCCGTCCCAAAATAAGTGTCTCAACCTTAGTACAACTTTGTACTAAAGTTAGTACAAAGTTGAGACACTTATTTTGGGACGGAGGGACTATAACAC
Triticum_aestivum-m0194	scaffold40228:14848:15041:+	-88.2	107	TGGTTTTGAGGTGGAGCTCCTATCATTCCAATGAAGGGTCTATCGAAGGGTTTGTGCAGCTGCTTGTTCATGGTTCCCACTATCCCATCTCCATTGAAAACGAGGAGATCGGCTTGTGGTTTGCATGACCGAGGAGCCGCTTCGATCCCTGGCTGACCGCTGTTTGGATTGAAGGGAG CTCTGCATCTTGATCT
Triticum_aestivum-m0153	scaffold29146:8365:8486:+	-60.2	105	CACAAAATTTTACTTCCTACGTCCGGAAATACTTGTTCTATGAATGGTTGTATCTAGACTTATTTTAGTTATAGATACATTCATTTTTAGGACAAATATTTCCGGACGGAGGGAGTATTTGT
Triticum_aestivum-m0071	scaffold14659:40472:40600:+	-57.7	104	CCTTTATACTCCCTCTGTCCAAAAATACTTGTCGGAGAAATGGATGTATTTAGACATATTTTAGTTTTAAATATATCCATTTTTATTCATTTCTCTGACAAGTATTTCCGGACGGAGGAAGTACTATTC
Triticum_aestivum-m0154	scaffold29196:29499:29637:+	-64.7	102	GGGGGTATAAGAGGCCATCTTCGATAGCCAAGGATGATTTGCCTGTGAAACTCACCTGGCAGCCAAGCTCTCTGCCATGCCACAGAGAACGGCGTGCCGCAGTTCCATGGGCAAGTCACCCTGGCTACCCAAGTACCCC
Triticum_aestivum-m0339	scaffold92033:18766:18903:+	-84.3	101	GATGGAATAGCAAAGGTAGTACTCCCTCCGATCCATATTACTTGTCGCTCAAATGGGTGTTCCTAGCCCTGAAATACGTCTAGATACATCCATTTGAGCGACAGGTAATATGGATTGGAGGGAGTACTTGATTCGGTG
Triticum_aestivum-m0036	scaffold116218:23506:23622:+	-64.2	99	CTTAGTACTCTCTCTGTTCCGAATTACTTGTCGCAGGTAGGGATGTATCTAAATGTATTTTAGTTCTAGATACATCCATTTTTACGACGAGTAATTTGGAACGGAGGGAGTATATGT