

**Ministério da Saúde  
Fundação Oswaldo Cruz  
Instituto René Rachou  
Programa de Pós-graduação em Ciências da Saúde**

**Identificação e caracterização de pequenos RNAs não codificadores de proteínas em  
*Biomphalaria glabrata* (Mollusca: Gastropoda)**

**Por  
Fábio Ribeiro Queiroz**

**Belo Horizonte  
2019**

**TESE DCS-IRR**

**F. R. QUEIROZ**

**2019**

**FÁBIO RIBEIRO QUEIROZ**

**Identificação e caracterização de pequenos RNAs não codificadores de proteínas em  
*Biomphalaria glabrata* (Mollusca: Gastropoda)**

**Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Ciências da Saúde, do Instituto René Rachou, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Ciências.**

**Aluno: Fábio Ribeiro Queiroz  
Orientadora: Dra. Roberta Lima Caldeira  
Coorientadora: Dra. Luciana Maria Silva  
Coorientador: Dr. Matheus de Souza Gomes  
Colaborador: Dr. Paulo Marcos Zech Coelho**

**Belo Horizonte  
2019**

Catálogo-na-fonte  
Rede de Bibliotecas da FIOCRUZ  
Biblioteca do IRR  
CRB/6 1975

Q384i      Queiroz, Fábio Ribeiro.  
2019

Identificação e caracterização de pequenos RNAs não codificadores de proteínas em *Biomphalaria glabrata* (Mollusca: Gastropoda) / Fábio Ribeiro Queiroz. – Belo Horizonte, 2019.

XXIII, 143 f.: il.; 210 x 297 mm.  
Bibliografia: f.: 69 - 83

Tese (Doutorado) – Tese para obtenção do título de Doutor em Ciências pelo Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde do Instituto René Rachou. Área de concentração: Doenças Infecciosas e Parasitárias.

1. Esquistossomose mansoni/prevenção & controle 2. *Schistosoma mansoni*/parasitologia 3. Pequenos RNAs/genética I. Título. II. Caldeira, Roberta Lima (Orientação). III. De Souza Gomes, Matheus (Coorientação). IV. Silva, Luciana Maria (Coorientação).

CDD – 22. ed. – 616.963

**FÁBIO RIBEIRO QUEIROZ**

**Identificação e caracterização de pequenos RNAs não codificadores de proteínas em  
*Biomphalaria glabrata* (Mollusca: Gastropoda)**

**Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Ciências da Saúde, do Instituto René Rachou, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Ciências.**

**Banca Examinadora:**

**Profa. Dra. Roberta Lima Caldeira (IRR) Presidente**

**Profa. Dra. Laila Alves Nahum (IRR) Titular**

**Profa. Dra. Langia Colli Montresor (IRR) Titular**

**Profa. Dra. Glória Regina Franco (UFMG) Titular**

**Prof. Dr. Álvaro Gil Araújo Ferreira (UFMG) Titular**

**Profa. Dr. Carlos Eduardo Calzavara Silva (IRR) Suplente**

**Tese defendida e aprovada em Belo Horizonte, 26/02/2019.**

“Não é o mais forte que sobrevive, nem o mais inteligente, mas o que melhor se adapta às mudanças”

Charles Robert Darwin

1809 a 1882

“Papai, porque você trabalha tanto?”

Davi Otta Queiroz (Meu amado filho)

**Dedico esse trabalho ao meu amado filho Davi Otta Queiroz.**

## **AGRADECIMENTOS**

Aos dezesseis anos de idade deixei minha saudosa São João do Pacuí - MG rumo à Montes Claros – MG. Entre lágrimas nos olhos, o coração angustiado e receoso, deixei minha mãe à porta com as mesmas sensações. Como deve ter sido difícil para ela esse momento, mas a sabedoria que a vida lhe deu sabia que era o melhor a se fazer.

Muitas dificuldades surgiram com o tempo, mas todas trouxeram aprendizados sólidos. Em um dos não raros momentos de desabafo com minha mãe, ouvi uma afirmação que marcou minha vida desde então e nunca a esqueci.

“Não posso estar ao seu lado sempre, mas Deus sempre colocará pais em seu caminho”.

Mais uma vez me curvo à sabedoria de minha mãe. Dona Luíza estava certa novamente!

E é justamente a esses pais que gostaria de agradecer. Cada um, a sua maneira contribuiu para que o caminho fosse mais fácil de ser percorrido, abriram suas casas, suas famílias e seus corações. Que Deus os abençoe e cubra suas casas de bênçãos, Tia Conceição, Dona Mércia e Sr. Wilson, Vó Maria, Rui, Suely e Tia Mércia. Vocês possuem lugar cativo em meu coração.

O caminho ainda reservou grandes amizades. Companheiros que tenho certeza, serão para toda a vida e alguns deles em especial, contribuíram e muito para que todas as conquistas até aqui alcançadas fossem possíveis. Meu querido amigo, companheiro de aventuras e compadre, Aristeu, obrigado por não permitir que minha estadia em BH durasse apenas um ano, obrigado ainda, por me apresentar aquele que seria meu orientador. Compadre Alex e meus queridos Choppanheiros (Rui, Pedro e Jorge), vocês são imprescindíveis, que Deus me torne merecedor eterno de vossas amizades. Meu querido amigo, irmão, parceiro de bancada, Wander, obrigado pela parceria de sempre, pelos ensinamentos, pela paciência. Você é um grande exemplo meu irmão. Amo vocês, obrigado por serem um norte constante.

Quando saí de casa, buscava um sonho que até então, ainda não estava claro, mas sabia que precisava voar. Este sonho foi se descortinando aos poucos e de repente me vi amante da ciência. Aos Mestres da Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, obrigado por inflamarem essa paixão em meu peito. À Unimontes, quanto orgulho sinto de ser parte dessa casa.

A ciência se tornou um berço de sonhos, uma ferramenta na tentativa de ajudar o tão sofrido Norte de Minas de alguma maneira. Ainda estou tentando e tenho certeza que terei êxito um dia. Tenho certeza porque fui forjado por mentes e corações brilhantes, a quem agradeço imensamente pela paciência e confiança em compartilhar comigo seus ensinamentos. Tive o privilégio de ser aceito no Laboratório de Biologia Celular da Fundação Ezequiel Dias – Funed, instituição que carrego no peito a honra de ser parte. Na Funed cheguei como um tronco bruto, mas que por algum motivo, ainda não sei qual, a Dra. Luciana Maria Silva enxergou algum potencial e resolveu abrir as portas do seu grupo. A Lu é assim, não existe explicações para ela, enxerga potencial onde poucos conseguem. Não sou competente o suficiente para externar em palavras o tamanho de minha admiração, gratidão e honra em ser seu pupilo Lu, mas dos lugares reservados em meu coração, sua cadeira é cativa e eterna. Os constantes desafios, apoio e ombro amigo dessa minha eterna Mãe científica, me levaram para maior casa de pesquisa do Brasil, casa que tenho toda a honra e satisfação em representar, a Fundação Oswaldo Cruz – Fiocruz em seu braço mineiro, o Instituto René Rachou – Fiocruz/MG. Fui aceito como aluno de mestrado pelo Dr. Paulo Marcos Zech Coelho, um dos maiores cientistas do mundo, com quem tive a honra de aprender e admirar. Carrego em meu peito a honra de ser aprendiz deste que faz de sua profissão um orgulho, que carrega a honra e a dignidade como sua bandeira.

Me considero um privilegiado por poder conviver e aprender com tantos Mestres de competência reconhecida mundialmente. Meu fascínio pela ciência só aumenta graças a eles. Em especial o Babá, que com toda sua calma e sabedoria não só me permitiu sentar ao seu lado na bancada e dividir comigo suas experiências, como também abriu seu coração e me permitiu ser um dos seus. Agradeço ao Babá ainda a oportunidade de conhecer o Dr. Matheus de Souza Gomes que me fez conhecer e querer seguir a bioinformática como parceira. Agradeço imensamente ao Matheus pela confiança, por me ensinar e pela paciência em respeitar meu tempo. Sua competência, força de vontade e entrega me motivam e são um dos principais espelhos que carrego, obrigado por tudo. Agradeço imensamente à Dra. Roberta, o anjo que Deus colocou em meu caminho para lapidar meu Eu cientista. Em momento de desespero, acolheu com carinho esse aprendiz de cientista e deu limites de uma maneira tão meiga e precisa, que é praticamente impossível definir em palavras. Sou eternamente grato minha querida orientadora que tanto me ensinou e teve paciência com meus devaneios.

Agradeço imensamente à Dra. Rafaella pelo carinho e conselhos de sempre, ao Dr. Naftale Katz pela atenção e ensinamentos, à Dra. Neusa pelo carinho e atenção, à Dra. Flávia Couto pela amizade, apoio e ensinamentos, ao meu grande amigo Áureo pela parceria,



confiança e apoio, a minha querida Suelene pelo carinho, parceria e apoio, agradeço ainda a minha querida amiga Jussara pelo carinho, parceria e apoio. A todos os queridos amigos Lesquianos que tanto carinho, suporte e atenção dispenderam a mim. Aos queridos amigos do Laboratório de Biologia Celular da Funed, obrigado por todo carinho e atenção, em especial a Dra. Letícia da Conceição Braga pela amizade sincera, apoio e ensinamentos. Aos parceiros do LBAM da UFU – Patos de Minas, muito obrigado pela parceria, suporte e carinho. Aos amigos do LHMM, muito obrigado pelo carinho e atenção.

É imprescindível agradecer ao Programa de Pós-graduação em Ciências da Saúde do Instituto René Rachou pela oportunidade. Agradeço especialmente ao Dr. Edelberto pelo apoio e atenção, a Dra. Andréa Teixeira e as meninas da secretaria acadêmica, principalmente a Andréa.

Agradeço o suporte fornecido, o apoio e a amizade de todos os integrantes da Plataforma de Bioinformática, especialmente ao Dr. Gabriel Fernandes, ao Fausto, ao Dr. Fabiano, à Dra. Juliana e ao Dr. Douglas. Agradeço às Plataformas de Sequenciamento tipo Sanger e NGS, especialmente à Dra. Ana e a Plataforma de PCR em Tempo Real por todo suporte e apoio de sempre. Agradeço imensamente ao Moluscário Lobato Paraense do Instituto René Rachou pelo apoio e especialmente à Dra. Liana e minha querida amiga Dilce pelo suporte e amizade sincera.

Por fim, a luta foi grande! Tenho certeza que ela continuará, mas a cada dia me sinto mais forte e preparado para os novos desafios. Graças aos amigos, familiares e às casas que represento. Minha querida Mãezinha Luíza, obrigado por acreditar que esse momento fosse possível, obrigado por propiciá-lo. Meu querido Pai Paulo, obrigado por me ensinar como ser um homem digno e honrado, meus irmãos Jonas e Maria Mercês, obrigado pelo carinho e por estarem sempre disponíveis, amo vocês.

No meio dessa caminhada surgiu uma flor em meu caminho. Minha rainha Dayane, que inundou meus dias de alegria, amor e apoio, que soube me manter com os pés no chão e firme para vencer os desafios do caminho. E o principal, me deu o maior presente de minha vida, o meu maior motivo para sorrir, a maior dádiva divina em minha vida, a melhor parte de mim, meu amado filho Davi, meu príncipe. Te amo meu filho, obrigado por ser a fórmula do poder do papai.

## **SUPORTE FINANCEIRO**

**Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)**

**Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG)**

**Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)**

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

**Fundação Ezequiel Dias/FUNED**

**Instituto René Rachou/FIOCRUZ-MG**

## RESUMO

A Organização Mundial de Saúde (OMS) estima que mais de 240 milhões de pessoas em 78 países necessitam de tratamento para a esquistossomose, uma doença endêmica causada por trematódeos do gênero *Schistosoma*. No Brasil, *Schistosoma mansoni* é a única espécie representativa desse gênero e *Biomphalaria glabrata*, *B. tenagophila* e *B. straminea* são as espécies hospedeiras intermediárias encontradas naturalmente infectadas. Embora numerosos avanços tenham ocorrido para compreender a relação *Biomphalaria/S. mansoni*, os mecanismos de regulação genética da resposta imunológica desenvolvida pelo molusco contra a infecção pelo parasito ainda precisam ser melhor explorados. Acreditamos que os pequenos RNAs, representados principalmente por miRNAs, piRNAs e siRNAs, sejam elementos chaves para o entendimento desses mecanismos de regulação gênica, por serem potentes reguladores pós transcricionais da expressão gênica em praticamente todos os seres vivos. Diante disso, ferramentas de bioinformática, sequenciamento de nova geração e qPCR foram utilizadas para avaliar o papel desses pequenos RNAs, e dos genes de suas vias de processamento, tanto no desenvolvimento do molusco como em sua relação com o parasito *S. mansoni*. Assim, foi possível identificar a existência dos principais genes envolvidos na biogênese de miRNAs e piRNAs no genoma de *B. glabrata*. As nucleases Bgl-Drosha e Bgl-Dicer, bem como as Ago-like, Bgl-Ago2 e Bgl-Piwi foram também caracterizadas e confirmadas serem ortólogas daquelas de outros organismos referência. Além disso, o padrão de expressão de alguns genes dessas vias foi determinado por qPCR no molusco em estádios diferentes de desenvolvimento, bem como em moluscos infectados por *S. mansoni*. Foi avaliado também o perfil de expressão dos principais genes da via de processamento de miRNAs e piRNAs no transcrito de *B. glabrata*, o que evidenciou remarcada superexpressão em tecidos como manto, ovoteste e glândula de albúmen dos genes Bgl-Piwi, Bgl-Tudor, Bgl-Ago2 e Bgl-Vasa, sugerindo importância para o mecanismo de regulação de expressão mediada por pequenos RNAs no desenvolvimento do molusco. Para identificar os pequenos RNAs sintetizados por essas vias, amostras de exemplares do molusco com concha e sem concha, coletados em diferentes estádios de desenvolvimento tiveram seus pequenos RNAs sequenciados, mostrando assim uma grande diversidade de miRNAs e piRNAs em *B. glabrata*, perfil este que foi validado posteriormente por qPCR. Para todos os Bgl-miRNAs identificados foram preditos alvos no genoma, evidenciando a regulação de inúmeros processos biológicos no molusco. Por fim, pela primeira vez foram identificados os Bgl-piRNAs e sua abundância e diversidade foram determinadas em tecidos e na hemolinfa. Esses resultados abrem a possibilidade para novos estudos objetivando confirmar o potencial desses ncRNAs em interferir no ciclo do *S. mansoni* intramolusco.

**Palavras chave:** Pequenos RNAs, *Biomphalaria glabrata*, bioinformática.

## ABSTRACT

The World Health Organization (WHO) estimates that more than 240 million people in 78 countries need treatment for schistosomiasis, an endemic disease caused by trematodes of the genus *Schistosoma*. In Brazil, *Schistosoma mansoni* is the only representative species of this genus, and *Biomphalaria glabrata*, *B. tenagophila* and *B. straminea* are the intermediate host species found naturally infected. Although numerous advances have been made to comprehend the *Biomphalaria/S. mansoni* relationship, the mechanisms of gene regulation in the immune response developed by the mollusk against infection by the parasite still need to be better explored. We believe that small RNAs, mainly represented by miRNAs, piRNAs and siRNAs, are key elements to understand these mechanisms of gene regulation since they are potent post-transcriptional regulators of gene expression in almost all living organisms. Considering this, bioinformatics tools, next generation sequencing and qPCR were used to evaluate the role of these small RNAs and the genes of their processing pathway as in the snail development as on its relationship with the *S. mansoni* parasite. Thus, it was possible to identify the existence of the main genes involved in the miRNAs and piRNAs biogenesis in the *B. glabrata* genome. The nucleases Bgl-Drosha and Bgl-Dicer, as well as Ago-like, Bgl-Ago2 and Bgl-Piwi were also characterized and confirmed as orthologs of those from other reference organisms. Additionally, the expression pattern of some genes from these pathways was determined by qPCR onto the mollusk in different development stages, as well as in the mollusk infected by *S. mansoni*. It was also evaluated the expression pattern of the main genes from miRNAs and piRNAs processing pathway in the transcriptome of *B. glabrata*, which evidenced remarkable overexpression in tissues like mantle, ovotestis and albumen gland of the genes Bgl-Piwi, Bgl-Tudor, Bgl-Ago2 and Bgl-Vasa, suggesting importance for the mechanism of gene regulation mediated by small RNAs in the mollusk development. To identify the small RNAs synthesized through these pathways, samples of mollusk specimen with and without shell, collected in different development stages had their small RNAs sequenced, showing a huge diversity of miRNAs and piRNAs in *B. glabrata* and this pattern was after validated through qPCR. For all the Bgl-miRNAs identified, it was predicted targets on the genome, evidencing the regulation of several biologic processes in the mollusk. Finally, for the first time, there have been identified the Bgl-piRNAs, and their abundance and diversity were determined in tissues and in the hemolymph. These results open the possibilities to new studies aiming to confirm the potential of the ncRNAs in interfering with the *S. mansoni* intra mollusk cycle.

**Key words:** Small RNAs, *Biomphalaria glabrata*, bioinformatics.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Ciclo evolutivo do <i>Schistosoma mansoni</i> .....	20
Figura 2: Via de biogênese dos miRNAs.....	28
Figura 3. Expressão dos principais genes da via de pequenos RNAs em doze tecidos de <i>B. glabrata</i> .....	38
Figura 4: Total de <i>reads</i> obtidas no sequenciamento.....	40
Figura 5: Abundância de miRNAs molusco-específicos em <i>B. glabrata</i> .....	44
Figura 6: Bgl-miRNAs mais abundantes nas amostras sequenciadas.....	45
Figura 7: Processos biológicos regulados por miRNAs em <i>B. glabrata</i> .....	46
Figura 8: Processos biológicos regulados por bgl-mir-8.....	47
Figura 9: Processos biológicos regulados por bgl-mir-92.....	48
Figura 10: Processos biológicos regulados por bgl-mir-184.....	49
Figura 11: Processos biológicos regulados por bgl-mir-315.....	50
Figura 12: Processos biológicos regulados por bgl-mir-375.....	51
Figura 13: Processos biológicos regulados por bgl-mir-750.....	52
Figura 14: Processos biológicos regulados por bgl-mir-1984.....	53
Figura 15: Expressão relativa dos miRNAs em diferentes tempos de desenvolvimento de <i>Biomphalaria glabrata</i> .....	55
Figura 16: Distribuição das <i>reads</i> de prováveis Bgl-piRNAs por comprimento em cada biblioteca.....	56
Figura 17: Perfil dos prováveis Bgl-piRNAs.....	56
Figura 18: Assinatura de piRNAs nos prováveis Bgl-piRNAs.....	57

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Proteínas da via de miRNA e piRNA em <i>B. glabrata</i> obtidos do Vectorbase e seus ortólogos obtidos no NCBI.....	34
Tabela 2: Ensaio TaqMan <sup>®</sup> para avaliação dos pequenos RNAs em <i>B. glabrata</i> .....	36
Tabela 3: Número de <i>reads</i> obtidas no sequenciamento de pequenos RNAs em <i>B. glabrata</i> .....	39
Tabela 4: Caracterização dos miRNAs maduros em <i>B. glabrata</i> .....	41

## LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

**aa** – Aminoácido

**Bgl-miRNAs** – miRNAs de *Biomphalaria glabrata*

**Bgl-piRNAs** – piRNAs de *Biomphalaria glabrata*

**BLASTn** – Ferramenta de alinhamento local de nucleotídeos

**BLASTp** – Ferramenta de alinhamento local de proteínas

**cDNA** – DNA complementar

**Ct** – Ciclo Threshold (Ponto da reação de PCR em que o ciclo está no limiar da fase exponencial)

**DGCR8** – Região 8 Crítica do Gene da Síndrome DiGeorge

**DNA** – Ácido Desoxidoribonucléico

**EXP5** – Exportina 5

**FMR** – Proteína “Retardo Mental Ligado ao X Frágil”

**ID** – Identidade

**M** – Molar

**mg** – Mili Grama

**Mg<sup>2+</sup>** – Íon Magnésio

**miRNA** – Micro RNA

**mL** – Mili Litro

**NCBI** – Centro Nacional de Informação Biotecnológica dos Estados Unidos da América

**ncRNA** – RNAs não codificadores de proteínas

**NOS** – Espécies Reativas de Nitrogênio

**°C** – Graus Célsius

**OMS** – Organização das Nações Unidas

**P** – Valor p

**PA** – Puro (100%)

**PCR** – Reação em Cadeia da Polimerase

**PFAM** – Banco de Dados de Famílias de Proteínas

**piRNA** – Pequeno RNA Associado à proteína Piwi

**R<sup>2</sup>** – R quadrado (coeficiente de determinação)

**RAN-GTP** – Proteína que se liga à guanosina trifosfato para transportar RNA através da membrana nuclear até o citoplasma

**RefSeq** – Banco de dados do NCBI contendo apenas sequências referência

**Riboc** – Domínio catalítico ribonucléico  
**RISC** – Complexo de Silenciamento Induzido de RNA  
**RNA** – Ácido Ribonucléico  
**RNA<sub>m</sub>** – RNA Mensageiro  
**RNase** – Enzima que cliva RNA  
**ROS** – Espécies Reativas de Oxigênio  
**rRNA** – RNA ribossômico  
**RS** – Rio Grande do Sul  
**SID** – Sistema interno de defesa  
**siRNA** – Pequeno RNA de Interferência  
**snoRNA** – *small nuclear RNAs*  
**snRNA** – *small nuclear RNAs*  
**SPN** – Proteína *Spindle*  
**TDRD** – Proteínas Contendo o Domínio Tudor  
**tRNA** – RNA transportador  
**μl** – Microlitro



## SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	19
1.1	ESQUISTOSSOMOSE.....	19
1.2	INTERAÇÃO PARASITO HOSPEDEIRO INTERMEDIÁRIO .....	21
1.3	PEQUENOS RNAs.....	24
1.4	BIOGÊNESE DOS PEQUENOS RNAs .....	26
1.4.1	BIOGÊNESE DE miRNAs .....	27
1.4.2	BIOGÊNESE DE piRNAs .....	29
1.4.3	PEQUENOS RNAs NA RELAÇÃO <i>Biomphalaria/S. mansoni</i> .....	30
2	OBJETIVOS.....	31
2.1	OBJETIVO GERAL .....	31
2.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	31
3	METODOLOGIA.....	32
3.1	MOLUSCOS.....	32
3.2	INFECÇÃO DOS MOLUSCOS.....	32
3.3	EXTRAÇÃO DE RNA TOTAL.....	32
3.4	IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA VIA DE PEQUENOS RNAs 33	
3.5	VALIDAÇÃO DA VIA DE PEQUENOS RNAs POR RT-qPCR.....	34
3.6	SEQUENCIAMENTO DE PEQUENOS RNAs .....	35
3.7	ANÁLISES DE miRNAs E piRNAs .....	35
3.8	VALIDAÇÃO DOS miRNAs POR RT-qPCR.....	36
4	RESULTADOS .....	37
4.1	AVALIAÇÃO DA VIA DE PEQUENOS RNAs.....	37

4.2	IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DOS miRNAs .....	39
4.3	IDENTIFICAÇÃO DE ALVOS DE miRNAs EM <i>B. glabrata</i> .....	45
4.4	VALIDAÇÃO DOS miRNAs POR RT-qPCR.....	54
4.5	IDENTIFICAÇÃO DE PROVÁVEIS piRNAs EM <i>B. glabrata</i> .....	55
5	DISCUSSÃO .....	58
6	CONCLUSÃO.....	67
7	PERSPECTIVAS .....	68
8	REFERÊNCIAS .....	69
9	ANEXO I - Differential expression of small RNA pathway genes associated with the <i>Biomphalaria glabrata</i> / <i>Schistosoma mansoni</i> interaction .....	84
10	ANEXO II – Tabela de alvos para os mais abundantes Bgl-miRNAs .....	113

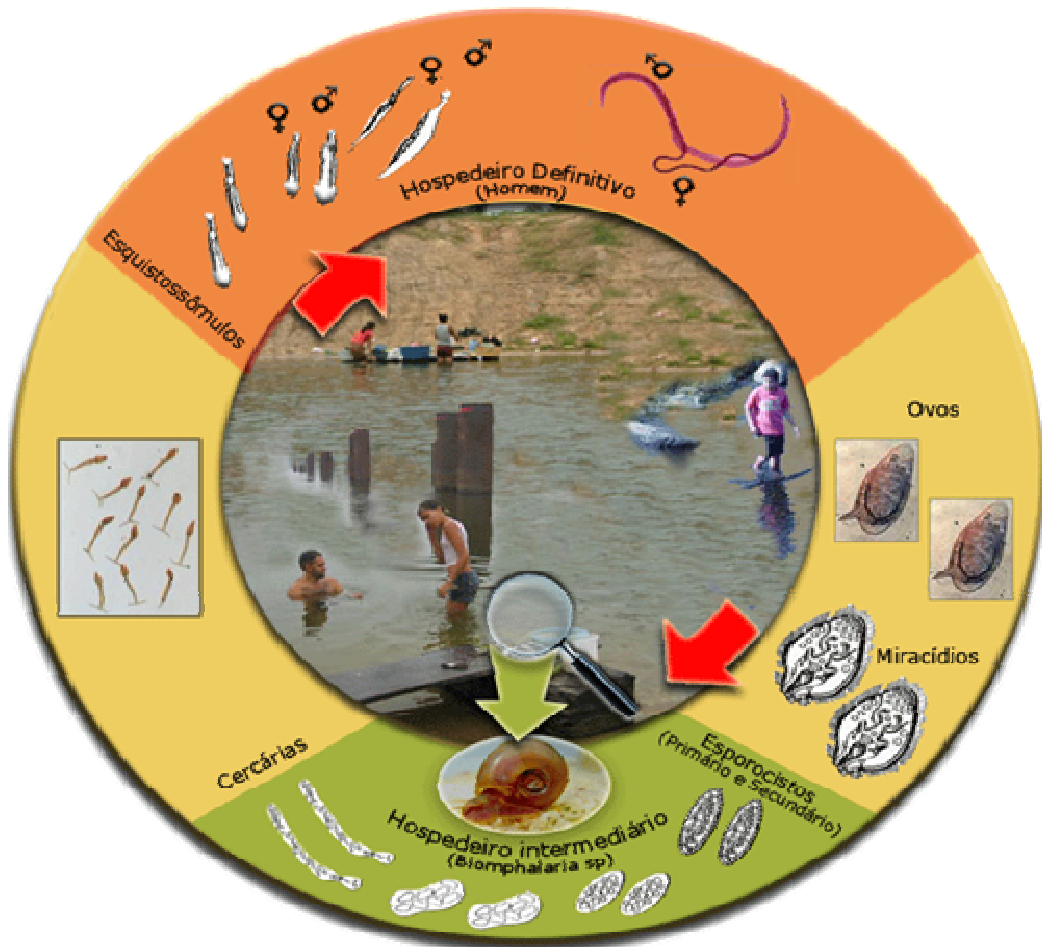
## 1.1 ESQUISTOSSOMOSE

Com ocorrência em 78 países da África, América do Sul, Ásia e Caribe, afetando mais de 218 milhões de pessoas a esquistossomose é uma doença negligenciada com alto índice de morbidade segundo a OMS (OMS, 2018), sendo, portanto, um grande problema de saúde pública. No Brasil, a esquistossomose mansoni é endêmica e foi descrita pela primeira vez por Pirajá da Silva em 1908. Segundo dados do último Inquérito Nacional de Prevalência da Esquistossomose e Geohelmintos de 2014, estima-se em 1,5 milhões de pessoas infectados pelo *Schistosoma mansoni* Sambon, 1907, uma prevalência de 4,17 %. Vale ressaltar que esses dados se referem a análises realizadas utilizando apenas duas lâminas de Kato-Katz, e como normalmente os infectados no Brasil apresentam baixa carga parasitária, é possível que esses números estejam subestimados. Sua erradicação depende de saneamento básico, acesso à água potável intradomiciliar, educação sanitária e o acesso aos cuidados de saúde. Contudo, esses direitos básicos não são uma realidade acessível a todos os brasileiros, que se veem prejudicados em sua saúde, perdendo sua capacidade produtiva (Nascimento *et al.*, 2019).

A esquistossomose é uma doença crônica causada por trematódeos do gênero *Schistosoma* (Weinland, 1858), ocorre principalmente em localidades sem saneamento ou com saneamento básico inadequado. A infecção acontece através da penetração ativa das cercárias, formas infectantes do *S. mansoni* pela pele e mucosas quando o homem entra em águas contaminadas. O ciclo de transmissão do parasito ocorre quando hospedeiros mamíferos infectados, principalmente o homem, eliminam os ovos do parasito pelas fezes que atingem o ambiente aquático. Estimulados pela temperatura e luminosidade os miracídios eclodem e nadam ativamente e penetram em caramujos *Biomphalaria*, hospedeiros invertebrados. Nestes, os parasitos se reproduzem assexuadamente e liberam as cercárias, nas coleções hídricas (Figura 1) (Sire *et al.*, 2001; Coelho *et al.*, 2008; OMS, 2018).

Estima-se que as espécies do gênero *Schistosoma* chegaram às Américas por intermédio de escravos trazidos da África durante o período de colonização e imigrantes asiáticos (Caldeira *et al.*, 2009). Entretanto apenas a espécie *S. mansoni*, encontrou hospedeiros intermediários suscetíveis, moluscos aquáticos do gênero *Biomphalaria*. No Brasil o gênero *Biomphalaria* é composto por onze espécies e uma subespécie, sendo que apenas três espécies foram encontradas naturalmente infectadas pelo *S. mansoni*: *Biomphalaria glabrata* (Say, 1818), *Biomphalaria tenagophila* (Orbigny, 1835), e *Biomphalaria straminea* (Dunker, 1848) (Caldeira *et al.*, 2009).

Figura 1



**Ciclo evolutivo do *Schistosoma mansoni*:** Ovos eliminados nas fezes de hospedeiros mamíferos infectados, em contato com coleções hídricas; liberam larvas ciliadas, denominadas miracídeos; infectantes para os hospedeiros invertebrados, *Biomphalaria sp.* Nos caramujos, os parasitos se desenvolvem até originar as larvas denominadas cercárias, infectantes para mamíferos, que saem dos moluscos e nadam freneticamente. Ao penetrar no hospedeiro vertebrado, que pode ser o homem, atingem a circulação do indivíduo, migram para o sistema porta-hepático e se desenvolvem em vermes adultos (Carvalho *et al.*, 2008).

Os principais sintomas da esquistossomose mansoni são decorrentes da resposta do organismo frente à presença dos ovos do parasito nos tecidos e normalmente são representados por fortes dores abdominais, diarreia e eventualmente sangue nas fezes. Em casos avançados da doença é comum o fígado e o baço encontrarem-se aumentados (OMS, 2018).

O diagnóstico parasitológico é realizado através da procura dos ovos do parasito nas fezes do hospedeiro vertebrado e o método de escolha preconizado pela OMS para essa finalidade é o Kato-Katz (Katz *et al.*, 1972; OMS, 2018). Porém, este método Kato-Katz é pouco efetivo em indivíduos com baixas cargas parasitárias, requerendo novas técnicas de maior sensibilidade, como a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em tempo real, que

apesar do alto custo e dificuldade de utilização em campo, se desponta como alternativa em casos de dúvida diagnóstica ou como controle de cura (Meurs *et al.*, 2015; Ismail *et al.*, 2016). Uma alternativa é o método de gradiente salínico que demonstrou ser de fácil aplicação, baixo custo e muito sensível (Coelho *et al.*, 2009). O Helmintex é outro método de importância que se desponta como um dos mais sensíveis (Fagundes Teixeira *et al.*, 2007), mas que infelizmente se esbarra na dificuldade de execução.

Evitar o contato com águas contaminadas e fazer uso de águas tratadas, além de educação para a saúde e tratamento dos doentes são preconizadas como as principais medidas de controle e combate à esquistossomose (Evan Secor, 2014; OMS, 2018; Nascimento *et al.*, 2019). Porém, isso só se torna de fato eficiente com saneamento básico de qualidade. O uso de moluscidas vem sendo constantemente sugerido como medida de combate à esquistossomose em situações de alta prevalência da doença e com grande presença de caramujos suscetíveis (Treyvaud *et al.*, 2000; Dos Santos *et al.*, 2007; Fabri *et al.*, 2014; Martins *et al.*, 2014; Pereira Filho *et al.*, 2014; Coelho e Caldeira, 2016). Marques e colaboradores (2014) demonstraram a possibilidade de controlar a transmissão da esquistossomose através da introdução de linhagens resistentes de *B. tenagophila* em locais de transmissão por esta espécie, onde os caramujos resistentes à infecção pelo *S. mansoni* ao realizar a fecundação cruzada com outros indivíduos suscetíveis transferem a estes o carácter de resistência, que é dominante. Este pode ser um método eficiente e que não confere prejuízos ao ambiente como os moluscidas (Marques *et al.*, 2014). Uma vacina infelizmente ainda não é uma realidade para a esquistossomose, embora avanços tenham sido obtidos (Fonseca *et al.*, 2012; You e Mcmanus, 2014).

Como forma de tratamento da esquistossomose a OMS preconiza o uso do Praziquantel, por ser eficiente contra todas as espécies de *Schistosoma* e apresentar custo baixo. Em alguns países com alta prevalência, como a África, toda a população em áreas endêmicas é tratada como medida profilática. Contudo, o controle da esquistossomose depende de um saneamento básico eficiente, da educação em saúde para a população e escolares, além do tratamento dos infectados e controle das populações planorbílicas (Coeli *et al.*, 2013; OMS, 2018).

## 1.2 INTERAÇÃO PARASITO HOSPEDEIRO INTERMEDIÁRIO

Os moluscos apresentam um sistema interno de defesa (SID) contra potenciais patógenos, capaz de detectar e distinguir os alvos, moléculas, próprias de não próprias. A resposta dos moluscos a patógenos é realizada por um sistema de defesa diferente dos

mamíferos, pois atuam somente hemócitos em cooperação com componentes humorais solúveis na hemolinfa (Loker e Bayne, 2001). Ao entrar em contato com o hemócito, o patógeno desencadeia reações que mudam o comportamento do sistema de defesa do molusco; desde a marcação por opsoninas para facilitar a fagocitose, alterações no perfil de transcrição gênica, até o comportamento de migração, degranulação e encapsulamento promovido pelas células de defesa (Bayne *et al.*, 1986; Loker e Bayne, 2001; Bayne, 2009; Negrao-Correa *et al.*, 2012; Larson *et al.*, 2014).

É considerada resistência toda vez que o SID do caramujo consegue evitar o estabelecimento e desenvolvimento do parasito, e suscetibilidade quando as defesas do molusco são ineficientes em deter o desenvolvimento do parasito (Theron e Coustau, 2005). Fatores fisiológicos do hospedeiro invertebrado e parasito também influenciam na infecção. Essa relação pode estar acompanhada de uma adaptação entre parasito e hospedeiro, como demonstrado por Paraense e Corrêa, em 1963, onde linhagens de *S. mansoni* isoladas em *B. glabrata* de Minas Gerais foram incapazes de infectar caramujos *B. tenagophila* em São Paulo, sugerindo uma clara afinidade dos parasitos em relação aos caramujos de suas próprias regiões, independente de uma espécie ser mais suscetível do que outra (Paraense e Correa, 1963a; b). O que sugere um processo de seleção natural ao longo do tempo.

Caramujos suscetíveis à infecção pelo *S. mansoni* podem, eventualmente, apresentar tanto esporocistos mortos por seu sistema de defesa quanto esporocistos viáveis, em um mesmo espécime. Assim, dentro de diversos cenários de linhagens de parasitos e hospedeiros, a infecção pode variar desde a destruição rápida do esporocisto, poucos momentos após penetrar no molusco, ou ao desenvolvimento completo do ciclo com a liberação de cercárias. Essas variações ocorrem provavelmente porque há um padrão individual de compatibilidade entre linhagens de parasitos e linhagens de hospedeiros, tendo em vista que há uma grande variedade genética destes. Sendo o sucesso ou insucesso da infecção determinada pelo *status* de compatibilidade fenotípica entre molusco e trematódeo (Theron e Coustau, 2005; Coelho *et al.*, 2008; Nacif-Pimenta *et al.*, 2012).

No Brasil, todas as linhagens geográficas de *B. glabrata* são suscetíveis à infecção pelo *S. mansoni*, sendo apontada como a espécie vetora de maior importância epidemiológica (Paraense e Correa, 1963b), além de ser a espécie modelo para estudos da interação parasito/hospedeiro invertebrado. Contudo, existe uma linhagem de *B. glabrata* que apresenta resistência parcial ao *S. mansoni*, a linhagem oriunda do Dique do Tororó/BA (Newton, 1953; Barbosa e Barreto, 1960; Paraense e Correa, 1963b). Embora essa não seja uma resistência

absoluta, pode ser crucial ao entendimento dos mecanismos de resistência/suscetibilidade do molusco frente ao trematódeo.

A segunda espécie em importância epidemiológica no Brasil é *B. tenagophila* que se encontra distribuída em estados do sudeste, sul, centro-oeste e sul da Bahia (Brasil, 2008). Nosso grupo tem estudado uma linhagem de caramujos *B. tenagophila* oriunda da reserva biológica do Taim (RS), que demonstrou ser completamente resistente a infecção pelo *S. mansoni*, sendo seu SID capaz de reconhecer e eliminar esses parasitos nas primeiras horas de infecção. O caráter de resistência dessa linhagem é geneticamente dominante sobre a suscetibilidade, fazendo dessa linhagem uma referência no controle biológico da transmissão da esquistossomose mansoni, como sugerido por Rosa e colaboradores em 2005 (Rosa *et al.*, 2005; Martins-Souza *et al.*, 2006; Marques *et al.*, 2014).

Devido ao fato do SID dos caramujos ser constituído por componentes humorais solúveis na hemolinfa e componentes celulares, principalmente os hemócitos, a relação parasito-hospedeiro em todos os seus aspectos, está condicionada à capacidade do SID em reconhecer e destruir o invasor, bem como a capacidade evasiva do parasito em sua autodefesa contra o ataque deste sistema, que envolve mecanismos sofisticados, como o mimetismo de moléculas do caramujo, fazendo com que o SID do molusco seja incapaz de reconhecer essas moléculas como não próprias (Plows *et al.*, 2005; Lehr *et al.*, 2008; Bayne, 2009; Negrao-Correa *et al.*, 2012). Quando o trematódeo é reconhecido pelo SID do molusco, uma série de reações e alterações no perfil de expressão de genes é desencadeada, principalmente nos hemócitos, que atuam como principais efetores da destruição do esporocisto. Espécies reativas de oxigênio (ROS) e nitrogênio (NOS) são produzidas pelos hemócitos, desencadeando a explosão respiratória leucocitária, presente em diversos organismos ao longo da evolução (Dikkeboom *et al.*, 1988; Boehmler *et al.*, 1996; Hahn *et al.*, 2000; 2001a; b; Bayne, 2009; Negrao-Correa *et al.*, 2012).

Lockyer e colaboradores (2008) identificaram por meio da análise do transcrito de *B. glabrata*, genes superexpressos em caramujos resistentes, desafiados com *S. mansoni*, relacionados às vias de estresse oxidativo, sendo a enzima superóxido dismutase a mais expressa nos caramujos infectados (Lockyer *et al.*, 2008). Embora as espécies reativas de oxigênio e nitrogênio, por si só, não sejam suficientes para destruir o esporocisto, sua atuação potencializando os efeitos danosos da explosão respiratória no parasito são notáveis e a identificação de genes envolvidos em mecanismos de proteção das células do hospedeiro contra a ação danosa dessa cascata oxidativa é de fundamental importância (Dikkeboom *et al.*,

1988; Boehmler *et al.*, 1996; Hahn *et al.*, 2000; 2001a; b; Bayne, 2009; Negrao-Correa *et al.*, 2012).

Embora pouco eficientes por si só para destruir os esporocistos sem a participação dos hemócitos, os fatores solúveis da hemolinfa os auxiliam significativamente nessa tarefa. O que pode ser comprovado por estudos realizados com caramujos resistentes e suscetíveis que demonstraram ser possível aumentar a resistência de um caramujo suscetível ao *S. mansoni* apenas com a transferência da hemolinfa de caramujos resistentes (Bayne *et al.*, 1980a; b; Granath e Yoshino, 1984; Van Der Knaap e Loker, 1990; Coelho e Bezerra, 2006; Pereira *et al.*, 2008; Bayne, 2009).

Através de suas características morfológicas e bioquímicas os hemócitos circulantes na hemolinfa do molusco podem ser classificados basicamente em hialinócitos e granulócitos. Os primeiros correspondem a 10 % dos hemócitos circulantes, são células esféricas e pequenas com um grande núcleo circundado por uma fina camada de citoplasma, não apresentando pseudópodes ou filopódios. Seu citoplasma é rico em ribossomos e mitocôndrias, apresentando um retículo endoplasmático rugoso pouco desenvolvido e pequena quantidade de lisossomos. Já os granulócitos representam 90 % dos hemócitos circulantes, são células maiores e polimórficas, emitem pseudópodes, apresentam citoplasma grande, contendo grânulos basofílicos, complexo de Golgi bem desenvolvido, densos aglomerados de lisossomos e mitocôndrias, com grande presença de enzimas fosfatase ácidas (Harris, 1975; Loverde *et al.*, 1982; Barracco *et al.*, 1993; Bezerra *et al.*, 1997; Johnston e Yoshino, 2001; Martins-Souza *et al.*, 2003).

Análises comparativas dos perfis diferenciais de expressão de genes de linhagens de *Biomphalaria*, expostos e não-expostos ao *S. mansoni*, demonstraram grande potencial para explicar a suscetibilidade do molusco frente ao trematódeo. Essa expressão de diversos genes foi potencializada após a estimulação de hemócitos com antígenos do parasito, em linhagens resistentes ao *S. mansoni*, sendo que o mesmo não ocorre nos moluscos suscetíveis. Alguns desses genes foram observados, dentro de uma mesma linhagem de caramujos, em alta expressão em adultos resistentes e não-expressos nos juvenis e sub-adultos suscetíveis (Durand *et al.*, 2000; Bayne, 2009; Larson *et al.*, 2014; Zahoor *et al.*, 2014).

### 1.3 PEQUENOS RNAs

A literatura tem avançado significativamente rumo ao entendimento da biologia dos moluscos transmissores da esquistossomose. Contudo, pouco ainda é conhecido sobre a



regulação da expressão gênica que ocorre nos moluscos e que pode estar diretamente relacionada ao seu desenvolvimento e sua relação com o *S. mansoni*. A regulação gênica envolvendo pequenos RNAs tem sido estudada em diversos organismos, como protozoários unicelulares e multicelulares complexos, desde suas vias de processamento, até sua atuação em nível celular (Moazed, 2009). Estes processos são orquestrados por diversas proteínas e pequenos RNAs alcançando uma fina e específica regulação da expressão gênica. Alguns dos principais pequenos RNAs não codificadores de proteínas, são os microRNAs (miRNAs), os pequenos RNAs interferentes (siRNAs) e os RNAs associados à proteína Piwi (piRNAs). Estes pequenos RNAs se diferenciam em número de nucleotídeos, biogênese e alvo final (Kim *et al.*, 2009).

Os pequenos RNAs podem se mostrar excelentes atores no entendimento dos mecanismos de resistência e suscetibilidade na interação *Biomphalaria/S. mansoni*, uma vez que as moléculas envolvidas nos aspectos regulatórios do SID, durante a interação entre parasito/hospedeiro invertebrado na esquistossomose ainda não estão completamente elucidadas. Uma classe de pequenos RNAs que provavelmente está participando desta interação e ainda pouco estudado, são os miRNAs. Estas moléculas de RNA fita simples não codificam proteínas, possuem 18 a 25 nucleotídeos de comprimento e agem como potentes reguladores pós-transcricionais da expressão gênica em plantas e animais (Kim, 2005; Kim *et al.*, 2009). Sua biossíntese é evolutivamente conservada e envolve clivagens endonucleolíticas sequenciais mediadas por duas enzimas RNase III em animais, Dicer e Drosha (Davis-Dusenbery e Hata, 2010).

Atualmente, 2654 miRNAs maduros de humanos estão depositados no miRBase, principal banco de dados de depósito de miRNAs. Na última versão do miRBase, versão 22, publicada recentemente, foram depositadas 38.589 seqüências de precursores e 48.860 seqüências de miRNAs maduros provenientes de 271 organismos (<http://www.mirbase.org/>). Constituindo uma das maiores classes de reguladores gênicos em animais, os miRNAs exercem seus efeitos regulatórios ligando-se à região 3' não traduzida de RNAs mensageiros alvo. Este mecanismo de atuação permite a redução dos níveis de síntese proteica de seus genes-alvo, raramente afetando o nível de expressão transcricional (Berezikov *et al.*, 2005; Kim, 2005).

Apesar de não terem suas funções totalmente esclarecidas, a descoberta dos miRNAs atraiu a comunidade científica pelas evidências sugestivas de que estas moléculas apresentam papel fundamental em diversos processos biológicos. Em mamíferos, estes pequenos RNAs

foram associados à regulação da proliferação celular, apoptose, diferenciação celular, hematopoese, entre outras funções (Esau *et al.*, 2004; Zhang, 2009; Costa *et al.*, 2012). Estudos recentes enfatizam a importância destas moléculas ao relatar alterações na expressão dos miRNAs em diferentes patologias humanas, inclusive no câncer (He *et al.*, 2007; Costa *et al.*, 2012; Kolenda *et al.*, 2014; Melo e Esteller, 2014; Romero-Cordoba *et al.*, 2014).

Além dos miRNAs, os piRNAs são uma classe de RNAs não codificadores exclusivos de animais descobertos inicialmente em *Drosophila melanogaster* e apontados inicialmente como importantes reguladores de genes envolvidos nos processos de reprodução (Aravin *et al.*, 2001). Estudos mostram que o silenciamento de transposons em células germinativas foi a função principal dos piRNAs ao longo do tempo (Aravin *et al.*, 2008; Lewis *et al.*, 2018). Contudo, atualmente sabe-se que essa classe de pequenos RNAs apresentam uma grande diversidade de sequências ao longo dos clados animais e pouco conservadas, atuando não só no controle de transposons em células germinativas, mas em tecidos somáticos também (Malone *et al.*, 2009; Morazzani *et al.*, 2012; Juliano *et al.*, 2014; Praher *et al.*, 2017). Os piRNA possuem 24 a 35 nucleotídeos de comprimento e normalmente são derivados de longos transcritos fita simples que são processados de *locus* gênicos denominados piRNA *clusters* (Aravin *et al.*, 2006; Girard *et al.*, 2006; Vagin *et al.*, 2006). Atualmente os piRNAs se destacam como uma das principais classes de pequenos RNAs, sendo identificados em praticamente todos os clados animais, exceto em alguns nematódeos (Sarkies *et al.*, 2015).

#### 1.4 BIOGÊNESE DOS PEQUENOS RNAs

Os pequenos RNAs não codificadores de proteínas apresentam uma gama de proteínas relacionadas a sua biogênese, tanto no núcleo quanto no citoplasma. Algumas dessas proteínas apresentam papel que se superpõe entre as diversas classes dos RNAs não codificantes, porém outras apresentam participação diferencial (Winter *et al.*, 2009). Por exemplo, a proteína RNase III nuclear Drosha só participa da via de processamento de miRNAs (Han *et al.*, 2004; Ha e Kim, 2014). Já outras proteínas são compartilhadas entre vias de processamento de pequenos RNAs como Dicer (RNase III citoplasmática) e componentes do complexo RISC (complexo de indução do silenciamento gênico mediado por RNA) (Carthew e Sontheimer, 2009; Ha e Kim, 2014). No citoplasma, proteínas como Argonata, principal componente de RISC, são distintas em suas ações, processando diferentes RNAs e almejando diferentes tipos de alvos. A classe das proteínas Argonata é dividida em duas subclasses: Argonata e Piwi. Cada classe é direcionada para um tipo

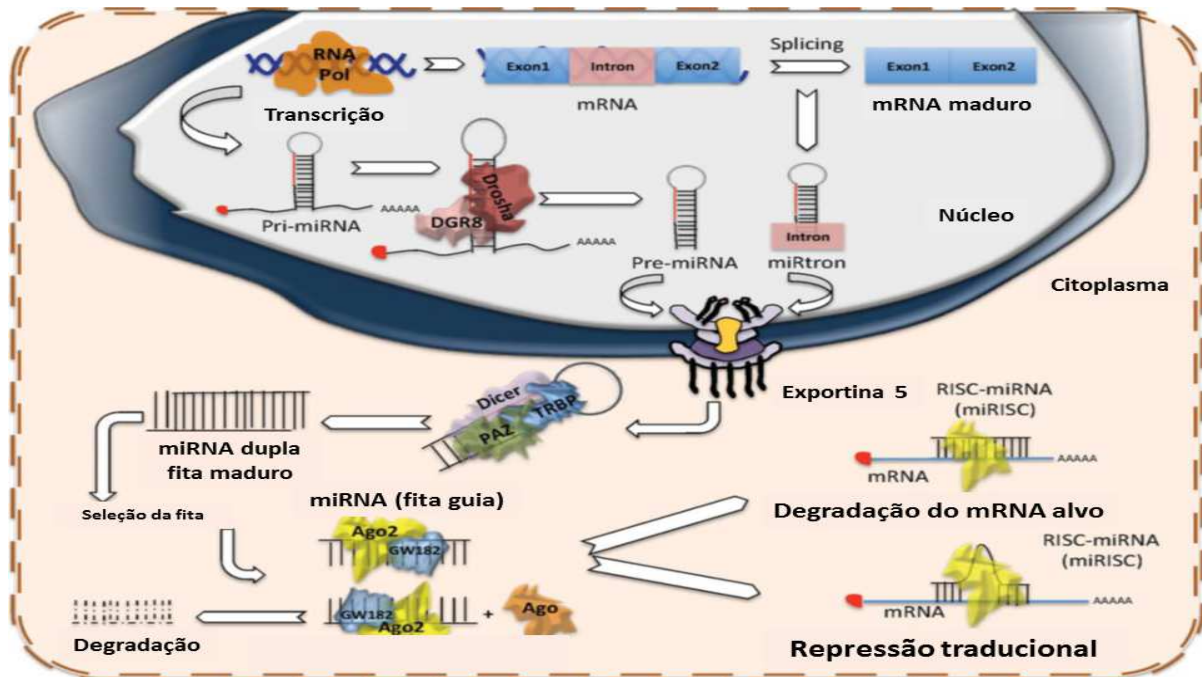
específico de RNA, sendo a proteína Piwi participante da via de processamento de piRNAs e a proteína Argonata do processamento de miRNAs (Peters e Meister, 2007).

#### 1.4.1 BIOGÊNESE DE miRNAs

Para que um miRNA possa desempenhar suas funções como regulador gênico, é necessário que ele seja transcrito e processado por um conjunto de proteínas nucleares e citoplasmáticas. Um miRNA pode ser codificado a partir de regiões intrônicas, transcritos não codificadores ou a partir de exons. Normalmente eles estão posicionados em *loci* próximos, sendo transcritos em conjunto formando estruturas policistrônicas (Lee *et al.*, 2002; Hertel *et al.*, 2006; Ha e Kim, 2014).

A via clássica de síntese de um miRNA, esquematizada na figura 2, inicia-se com a transcrição de seu gene pela RNA polimerase II, gerando um longo transcrito de miRNA primário (pri-miRNA) contendo cap 5' e cauda poli(A) (Lee *et al.*, 2004). O pri-miRNA apresenta uma estrutura *hairpin* em seu arcabouço que é clivada ainda no núcleo pela RNase III Droscha, e seu cofator DGCR8 (do inglês, DiGeorge syndrome critical region gene 8), gerando uma molécula precursora do miRNA maduro denominada pré-miRNA, com cerca de 70 nucleotídeos (Lee *et al.*, 2003). Em seguida, o pré-miRNA é transportado rapidamente ao citoplasma pela exportina-5 (Exp5), proteína de transporte nuclear que utiliza Ran-GTP como co-fator. No citoplasma, o pré-miRNA é processado pela RNase III Dicer, gerando um miRNA fita dupla de 19 a 25 nucleotídeos. Este produto é incorporado a um complexo multimérico denominado RISC (do inglês, RNA-induced silence complex), que inclui as proteínas Argonautas como principais componentes. Apenas uma das fitas do duplex de miRNA permanece no complexo RISC para controlar a expressão pós-transcricional de genes-alvo. A expressão alterada de componentes da maquinaria de biogênese dos miRNAs como Droscha, Dicer e Argonautas, tem sido associada a diferentes cânceres humanos, destacando a importância desta via no funcionamento celular adequado (Bernstein *et al.*, 2001; Lee *et al.*, 2003; Schwarz *et al.*, 2003; Lee *et al.*, 2004; Lund *et al.*, 2004; Esquela-Kerscher e Slack, 2006).

Figura 2



**Via de biogênese dos miRNAs.** O gene de miRNA é transcrito pela RNA polimerase II. O transcrito primário (primiRNA) apresenta uma estrutura hairpin, que é processada pela enzima RNase III, Drosha juntamente com DGCR8, formando o miRNA precursor (pré-miRNA) de ~70 nucleotídeos. A proteína exportina-5 leva esse produto ao citoplasma para ser processado pela RNase III, Dicer, gerando um miRNA fita dupla de ~22 nucleotídeos. Uma das fitas do duplex de miRNA é degradada enquanto a outra permanece no complexo RISC para controlar a expressão pós-transcricional de genes-alvo. Caso o pareamento miRNA/mRNA alvo seja perfeito ocorre uma degradação completa do mRNA alvo, caso essa associação seja apenas parcial, haverá uma repressão translacional, onde o mRNA alvo será silenciado, mas não degradado. **Modificado de (Romero-Cordoba *et al.*, 2014).**

A regulação pós-transcricional exercida pelos miRNAs em animais ocorre na região 3' UTR e depende do grau de complementaridade com o RNAm-alvo. O pareamento de modo imperfeito com o RNAm acarreta a inibição translacional do alvo, sendo o mecanismo principal de atuação dos miRNAs em mamíferos. Em função dos miRNAs agirem sem a necessidade de pareamento completo, um único miRNA pode regular muitos RNAm-alvo, além de cooperarem no controle de um único RNAm. Alguns estudos indicam que um miRNA pode regular 200 RNAs apresentando funções totalmente diversas (Brennecke *et al.*, 2005). Desta forma, os miRNAs constituem uma enorme e complexa rede regulatória celular. Em plantas, a regulação dos miRNAs ocorre principalmente através de sua interação perfeita com o RNAm, levando-o à degradação. No entanto, já se têm exemplos da ocorrência deste silenciamento gênico também em mamíferos (Valencia-Sanchez *et al.*, 2006). Apesar de estarmos apenas no início de entender a biologia dos miRNAs, o crescente número de trabalhos vem revelando importante desempenho destes pequenos RNAs em diversos processos biológicos. Além disso, através da regulação global da expressão gênica celular e associação a diferentes

funções, torna-se evidente que os miRNAs interferem na progressão de diversas patologias (Brennecke *et al.*, 2005; Valencia-Sanchez *et al.*, 2006; Brodersen e Voinnet, 2009; Costa *et al.*, 2012; Kolenda *et al.*, 2014).

#### 1.4.2 BIOGÊNESE DE piRNAs

Os piRNAs são produzidos a partir de um transcrito longo que normalmente possui informação para gerar inúmeras sequências maduras. Devido a isso, esse transcrito longo recebe o nome de *cluster* (Aravin *et al.*, 2006; Lau *et al.*, 2006), que pode ser fita simples ou fita dupla. *Clusters* fita simples são transcritos de maneira convencional pela RNA polimerase II e representam a via principal de síntese em todos os modelos animais estudados até o momento (Ozata *et al.*, 2018). Contudo, *clusters* fita dupla que são transcritos de ambas as fitas do DNA foram identificados em alguns grupos de insetos (Klattenhoff *et al.*, 2009; Fu *et al.*, 2018). Normalmente esses *clusters* são um produto histórico das defesas do organismo contra transposons por serem responsáveis por armazenar informações para silenciar um grande número dessas moléculas (Brennecke *et al.*, 2007). Os *clusters* de fita dupla possuem a capacidade de gerar sequências de piRNAs nas duas direções, facilitando assim o silenciamento de transposons em qualquer orientação (Li *et al.*, 2009; Malone *et al.*, 2009).

A biogênese dos piRNAs ainda não está totalmente esclarecida. Contudo, existem definições bastante sedimentadas, como por exemplo, o fato de haver uma etapa de processamento nuclear e outra citoplasmática. Na etapa nuclear um longo precursor que poderá dar origem a inúmeros piRNAs é transcrita e exportada para o citoplasma onde será processada por um complexo de proteínas, incluindo da família Argonata. Os piRNAs maduros deverão se ligar a proteína Piwi formando um complexo de silenciamento responsável por regular a expressão de transposons e também de mRNA (Huang *et al.*, 2017; Ozata *et al.*, 2018). Esta é a via clássica de síntese dos piRNAs em praticamente todos os animais, mas existe também uma via alternativa denominada ciclo ping-pong. Esta via é a principal responsável por gerar piRNAs maduros nas duas direções do precursor, o que favorece e muito o controle da expressão dos transposons (Brennecke *et al.*, 2007).

No núcleo, a transcrição poderá originar um transcrito de fita simples ou um transcrito de fita dupla. No primeiro caso, é gerado uma fita assim como um mRNA, com cap 5' e cauda 3' poli A (Zanni *et al.*, 2013; Goriaux *et al.*, 2014). Na segunda possibilidade não existem sinais de início ou término da transcrição, fazendo com que não existam, até os dias de hoje, uma definição precisa para os mecanismos de transcrição da dupla fita. Principalmente pelo fato de não existir um promotor responsável diretamente por esse modelo de transcrição

(Mohn *et al.*, 2014). Esses longos transcritos são exportados ao citoplasma e clivados por uma proteína denominada Zucchini (Zuc) (Nishimasu *et al.*, 2012). Zuc gera piRNAs maduros com tamanhos compreendidos entre 24 a 35 nucleotídeos e que apresentem uma forte tendência a manter uma uracila na primeira posição 5' (Ipsaro *et al.*, 2012; Nishimasu *et al.*, 2012). Este piRNA maduro deverá se ligar com o auxílio de proteínas Tudor à proteína Piwi para formação do complexo de silenciamento. Para o ciclo ping-pong, proteínas Argonata 3 associada a Tudor se liga à uma fita molde de piRNA e com o auxílio de Aubergina que reconhece e cliva a fita complementar ao piRNA molde. Esse processo gera piRNAs maduros capazes de reconhecer transposons em qualquer sentido. Os piRNAs maduros gerados são inseridos em proteínas Piwi, gerando o complexo de silenciamento (Aravin *et al.*, 2001; Brennecke *et al.*, 2005; Huang *et al.*, 2017).

#### 1.4.3 PEQUENOS RNAs NA RELAÇÃO *Biomphalaria/S. mansoni*

Apesar do grande potencial, os estudos envolvendo pequenos RNAs na esquistossomose ainda são necessários, embora tenham sido identificados possíveis miRNAs de *S. mansoni*, através de técnicas de clonagem, sequenciamento e bioinformática (Gomes *et al.*, 2009; De Souza Gomes *et al.*, 2011; Simoes *et al.*, 2011). Gomes *et al.* (2009) caracterizaram a via de processamento de miRNAs em *S. mansoni* e demonstrou expressão gênica diferencial de dois genes chaves da via, Argonata e Dicer, em diversos estágios de desenvolvimento do parasito. Em 2011, dois trabalhos mostraram a presença de miRNAs e seus precursores no genoma de *S. mansoni*, além de sua importância na regulação da expressão de genes específicos (Gomes *et al.*, 2009; De Souza Gomes *et al.*, 2011; Simoes *et al.*, 2011).

Com os conhecimentos adquiridos através das análises do genoma e transcrito de *B. glabrata* (Adema *et al.*, 2006; Lockyer *et al.*, 2008; Adema *et al.*, 2017), foi possível avançar substancialmente no estudo da relação *Biomphalaria/S. mansoni*. Contudo, estudos complementares são necessários para elucidar definitivamente esse problema. Nesse sentido, este estudo buscou avaliar a hipótese de que existe em *B. glabrata* a via de processamento de pequenos RNAs. Para tanto, foi avaliada a expressão da via de pequenos RNAs em *B. glabrata* em diversos momentos do desenvolvimento do molusco e na sua relação com o parasito. Foi confirmada a importância desta via na biologia do molusco e sua influência na relação do molusco com o *Schistosoma* (Queiroz *et al.*, 2017). Em função destes resultados, entender o perfil dos pequenos RNAs não codificadores de proteínas em *B. glabrata* tornou-se imperativo. Com o sequenciamento de nova geração (NGS) foi possível elucidar o perfil dessas moléculas no molusco e expandir a fronteira do conhecimento sobre os mecanismos que possam estar relacionados a suscetibilidade do molusco frente a *S. mansoni*.

**2****OBJETIVOS****2.1 OBJETIVO GERAL**

Avaliar o papel dos pequenos RNAs e sua maquinaria de processamento na biologia de *B. glabrata* e na interação com *S. mansoni*.

**2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- ✓ Identificar e caracterizar a maquinaria de pequenos RNAs em *B. glabrata*;
- ✓ Identificar e caracterizar por sequenciamento e ferramentas de bioinformática os pequenos RNAs em *B. glabrata*;
- ✓ Validar a expressão dos genes da maquinaria de pequenos RNAs, bem como de alguns miRNAs conservados.

**3**

#### 4.1 MOLUSCOS

Foram utilizados nesse estudo, moluscos da espécie *B. glabrata*, linhagem de Belo Horizonte (056/2012/SECEX/CGEN), suscetível à infecção pelo *S. mansoni*. Esta linhagem foi obtida junto ao Moluscário Lobato Paraense do Instituto René Rachou (Fiocruz/MG). Para realização dos experimentos de desafio pelo *S. mansoni*, bem como para o sequenciamento de pequenos RNAs, foram escolhidos caramujos com comprimento de concha compreendido entre 7-15 mm. Para os ensaios de avaliação das fases de desenvolvimento dos moluscos foram escolhidas desovas (*pool*), caramujos imaturos e maduros sexualmente, visando contemplar as diversas fases de desenvolvimento do molusco e detectar possíveis variáveis na produção de pequenos RNAs.

#### 4.2 INFECÇÃO DOS MOLUSCOS

Para os ensaios de infecção, moluscos de tamanho compreendido entre 7 e 15 mm maduros sexualmente foram infectados individualmente com 30 miracídios de *S. mansoni* da cepa LE, cedidos pelo Moluscário Lobato Paraense, e mantidos por 3 horas sob luz artificial e posteriormente mantidos em aquário durante o período experimental. Foram retirados 30 animais em cada grupo nos intervalos de 4 horas, 12 horas, 24 horas, 7 dias, 15 dias, 21 dias e 30 dias para contemplar os principais momentos do desenvolvimento do *S. mansoni* no molusco. O grupo controle foi estabelecido com animais da mesma idade e quantidade do grupo experimental sem desafio e retirados igualmente a cada período. Foi mantido um grupo com 30 caramujos desafiados até os 38 dias de infecção como controle do desafio. Após exposição à luz artificial, 72 % dos moluscos estavam eliminando cercárias, o que confirmou o sucesso da infecção.

#### 4.3 EXTRAÇÃO DE RNA TOTAL

Para a obtenção de RNA total, os moluscos foram macerados com o auxílio do graal em nitrogênio líquido. O macerado foi transferido para um tubo de 15 mL e a ele adicionado Trizol<sup>®</sup> (Invitrogen) conforme instruções do fabricante. Posteriormente, o homogeneizado foi transferido para microtubos de 1,5 mL e incubado por 5 minutos à temperatura ambiente para permitir a completa dissociação dos complexos de nucleoproteínas. A seguir foram adicionados 0,2 mL de clorofórmio (Sigma - St. Louis, MO, USA) para cada 1 mL de Trizol<sup>®</sup>. A mistura foi homogeneizada vigorosamente com auxílio de um vórtex por 15 segundos. Em seguida as amostras foram centrifugadas a 12000 x g por 15 minutos a 4 °C. Ao final da



centrifugação formaram-se três fases (RNA-Proteína-DNA). A fase superior aquosa contendo o RNA foi transferida para um novo tubo contendo 0,5 mL de isopropanol gelado. A mistura foi mantida em temperatura ambiente por 10 minutos e posteriormente centrifugada a 12000 x g por 15 minutos a 4 °C. O sobrenadante foi desprezado e o *pellet* lavado com 1 mL de álcool etílico 75 %, centrifugado a 7500 x g por 5 minutos a 4 °C. Esta última etapa de lavagem foi repetida mais duas vezes. Por fim, o RNA foi seco ao ar e ressuspendido em água livre de RNases, após esse processo foram divididos em alíquotas menores e armazenados em freezer -80 °C. Uma das alíquotas foi utilizada para dosagem e análise de qualidade das amostras extraídas. Foi realizada dosagem utilizando Qubit<sup>®</sup> (Thermo Fisher), conforme instruções do fabricante. A qualidade foi aferida utilizando Bioanalyzer<sup>®</sup> (Agilent), conforme instruções do fabricante.

#### 4.4 IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA VIA DE PEQUENOS RNAs

Para identificação e caracterização das proteínas da via de pequenos RNAs em *B. glabrata*, foram utilizadas sequências homólogas de organismos referência e próximos filogeneticamente a *B. glabrata*, como *D. melanogaster* e *Caenorhabditis elegans* (Tabela 1). Todos esses genes foram identificados nos dados do genoma de *B. glabrata*, disponível no VectorBase (<https://www.vectorbase.org/organisms/biomphalaria-glabrata>) e recentemente publicado (Adema *et al.*, 2017). Para caracterização, as sequências de aminoácidos de Bgl-Argonauta, Bgl-Piwi, Bgl-Drosha e Bgl-Dicer foram comparadas às sequências de organismos referência obtidas por similaridade no banco de dados de referência do NCBI (Refseq). As sequências foram submetidas a identificação de domínios conservados no banco de dados de famílias de proteínas Pfam (<http://pfam.xfam.org/>) e análise de sítios catalíticos no CDD (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>). Por fim, foram realizadas análises de alinhamento múltiplo de sequências utilizando ClustalX 2.1 (Thompson *et al.*, 2002) e a inferência filogenética foi realizada utilizando o método Neighbor-joining (Saitou e Nei, 1987) com *Bootstrap* 1000 e a distância evolutiva calculada utilizando o modelo JTT no pacote MEGA 5.2 (Tamura *et al.*, 2011). Foi realizada ainda uma análise de expressão dos principais genes da via de pequenos RNAs, em doze bibliotecas do transcrito de *B. glabrata* (Adema *et al.*, 2017). Para tanto, sequências de mRNA para os principais genes da via de pequenos RNAs em *B. glabrata* foram mapeadas nessas bibliotecas e assim o número total de *reads* mapeadas para cada gene foi contado utilizando o *software* *express* (versão 1.5.1) (Roberts e Pachter, 2013) e normalizadas utilizando RPKM (Wagner *et al.*, 2012). Os valores de expressão foram inferidos utilizando o *edgeR* (Robinson *et al.*, 2010).

**Tabela 1. Proteínas da via de miRNA e piRNA em *B. glabrata* obtidos do Vectorbase e seus homólogos obtidos no NCBI.**

Gene	Proteína ID	Tamanho (aa)	Homólogos Blastp NCBI	E-value
<b>Bgl-Argonauta</b>	BGLB002396-PA	855	NP_725341.1	0
<b>Bgl-Dicer</b>	BGLB002125-PA	2165	NP_524453.1	0
<b>Bgl-Drosha</b>	BGLB003167-PA	1128	NP_477436.1	0
<b>Bgl-Fmr1</b>	BGLB012977-PA	376	NP_731445.1	0
<b>Bgl-Loquacious</b>	BGLB009745-PA	319	NP_609646.1	8e-167
<b>Bgl-TDRD1</b>	BGLB002484-PA	3332	NP_476773.1	0
<b>Bgl-PIWI</b>	BGLB010170-PA	854	NP_001036627.2	0
<b>Bgl-Tudor</b>	BGLB005262-PA	864	NP_612021.1	0
<b>Bgl-SPN-E</b>	BGLB001557-PA	1424	NP_476741.1	0
<b>Bgl-Exportin-5</b>	BGLB008947-PA	437	NP_741567.1	0.0
<b>Bgl-Mioglobina</b>	BGLB010864-PA	150	NP_510079.2	4e-97

#### 4.5 VALIDAÇÃO DA VIA DE PEQUENOS RNAs POR RT-qPCR

Para análise do perfil de expressão dos genes da via de pequenos RNAs em *B. glabrata* foram selecionados cinco genes alvo: Bgl-Argonauta, Bgl-Drosha, Bgl-Piwi, Bgl-Exportina-5 e Bgl-Tudor, como controle endógeno, foi utilizado Bgl-Mioglobina. Para a avaliação do papel desses genes no desenvolvimento dos moluscos, selecionamos moluscos de 5, 10, 20 e 40 dias de vida. Um *pool* de desovas foi utilizado como controle calibrador da reação. Para avaliar o papel desses genes na relação de resistência/suscetibilidade de *B. glabrata* frente o *S. mansoni*, utilizamos moluscos desafiados nos seguintes tempos: 4 horas, 12 horas, 24 horas, 7 dias, 15 dias, 21 dias e 30 dias após a infecção. Moluscos não infectados em cada tempo foram utilizados como controle calibrador da reação. Para a síntese da primeira fita de DNA utilizamos 1 µg de RNA total com o auxílio do Kit High-Capacity (Life Technologies™) conforme instruções do fabricante. Para reação de PCR em tempo real foi utilizado Power SYBR® Green PCR Master Mix (Applied Biosystems®) no aparelho (Applied Biosystems 7500), com ciclagem térmica (95°C por 10 minutos, 40 ciclos de 95°C por 15 segundos e 60°C por 1 minuto, seguido de análise da curva de Melt de 60° a 95°C). A análise de expressão gênica foi avaliada utilizando o método  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  (Livak e Schmittgen, 2001). A análise estatística das diferenças entre os grupos foi realizada utilizando-se teste não paramétrico Anova e Tukey como pós teste no *software* GraphPad Prism® 5.0 (GraphPad Software, Inc., San Diego, USA). Valores de  $p \leq 0.05$  foram considerados estatisticamente significativos.

#### 4.6 SEQUENCIAMENTO DE PEQUENOS RNAs

Para o sequenciamento dos pequenos RNAs de *B. glabrata*, grupos de moluscos com concha e sem concha foram processados conforme descrito no item 3.3. Esses grupos foram escolhidos por representarem moluscos com toda hemolinfa e praticamente sem hemolinfa. Isso porque durante o processo de remoção da concha praticamente toda a hemolinfa do molusco é perdida. As amostras de RNA total foram submetidas a construção da biblioteca utilizando o kit NEBNext<sup>®</sup> (New England Biolabs<sup>®</sup>), conforme instruções do fabricante e a fração correspondente aos pequenos RNAs foi purificada em gel. As bibliotecas foram sequenciadas utilizando a Illumina HiSeq<sup>™</sup> 2500 conforme instruções do fabricante. As sequências obtidas do sequenciamento foram filtradas por qualidade utilizando o *software* FastQC, as *reads* com *score* de qualidade menor que 25 foram descartadas. Para eliminação dos adaptadores as *reads* foram processadas utilizando o *software* Trimmomatic. Todas as sequências foram contadas e mapeadas no genoma de *B. glabrata* (<https://www.vectorbase.org/organisms/biomphalaria-glabrata>). Para a análise dos pequenos RNAs, apenas *reads* de comprimento compreendido entre 15 e 35 nucleotídeos foram selecionadas, as demais *reads* foram descartadas dessa análise. Para quantificação de *reads* identificadas como RNAs não codificadores de proteínas, exceto piRNAs e miRNAs, tais como tRNA, rRNA, snoRNA, snRNA entre outros foi utilizado o banco de dados Rfam e a ferramenta Blastn. Apenas *reads* com identidade e cobertura superior a 95% bem como tamanho de 15 nt no alinhamento do Blastn foram aceitas para identificação dos pequenos RNAs citados acima.

#### 4.7 ANÁLISES DE miRNAs E piRNAs

Para as análises de miRNAs apenas *reads* de 15 a 25 nucleotídeos foram mantidas. Foi utilizado o *software* miRDeep2 (Friedlander *et al.*, 2012) para quantificar e mapear as *reads*. As sequências de miRNAs maduros e precursores utilizadas nesta análise foram previstas por nosso grupo anteriormente e publicadas juntamente com os dados do genoma de *B. glabrata* (Adema *et al.*, 2017). Todo o banco de dados de miRNAs de animais disponível no miRBase (<http://www.miRbase.org/>) foi utilizado como referência nessa análise.

Uma vez identificados os miRNAs de *B. glabrata* (Bgl-miRNAs), eles foram submetidos a predição de alvos em sequências 3' UTR obtidas do genoma. Foram utilizados nessa análise dois *softwares*, miRanda (<http://www.microrna.org/>) e RNAhybrid (<http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/rnahybrid>). Para miRanda foram usados os seguintes parâmetros: abertura de *gap* foi penalizada com -8, extensão de *gap* com -2, *match* com

mínimo *score threshold* 120, alvo com máxima energia livre -15 kcal/mol, 3 para complementariedade de nucleotídeos, contados a partir da porção 5' e com exigência de pareamento preciso entre os nucleotídeos de 2 a 9. Para RNAhybrid foram mantidos os parâmetros padrão do *software*. Para diminuir a chance de falso positivos apenas os alvos preditos em ambos os *softwares* foram selecionados.

As análises de piRNAs contaram apenas com *reads* de comprimento entre 23 e 35 nucleotídeos. miRNAs e outros pequenos RNAs, tais como tRNA, rRNA, snoRNA e snRNA foram mapeados e filtrados previamente. Os *clusters* para os prováveis piRNAs de *B. glabrata* (Bgl-piRNAs) foram obtidos utilizando proTRAC (Rosenkranz e Zischler, 2012), conforme *pipeline* sugerido por Rosenkranz (2012). Os parâmetros utilizados foram (-pimin 23 -pimax 35) para determinar o comprimento esperado para as menores e maiores sequências respectivamente. A assinatura do ciclo ping-pong foi predita utilizando o *software* PingPongPro (Rosenkranz *et al.*, 2015) com parâmetros (-l 23 – L 35) também para determinar o comprimento esperado para as menores e maiores sequências respectivamente.

#### 4.8 VALIDAÇÃO DOS miRNAs POR RT-qPCR

Para validar os resultados do sequenciamento de pequenos RNAs foi realizada a técnica de PCR em tempo real, utilizando TaqMan<sup>®</sup>. Os alvos foram escolhidos respeitando padrões de conservação e abundância na análise por bioinformática. Os miRNAs selecionados foram: mir-8, mir-92, mir-184, mir-315, mir-375, mir-750 e mir-1984. Para normalização do ensaio de expressão foi utilizado como endógeno o snRNA-U6. A PCR ocorreu na plataforma Vii7<sup>®</sup> (Thermo Fischer) em 40 ciclos seguidos de 15 segundos a 95°C para desassociação das fitas e 1 minuto a 60°C para anelamento dos *primers*. A análise estatística das diferenças entre os grupos foi realizada utilizando-se teste não paramétrico Anova e Tukey como pós teste no *software* GraphPad Prism<sup>®</sup> 5.0 (GraphPad Software, Inc., San Diego, USA). Valores de  $p \leq 0.05$  foram considerados estatisticamente significativos.

**Tabela 2. Ensaio TaqMan<sup>®</sup> para avaliação dos pequenos RNAs em *B. glabrata*.**

miRNA	ID do Ensaio*	Nome do Ensaio
miR-8	000269	dme-miR-8
miR-92	241870_mat	dpu-miR-92
miR-184	000290	dme-miR-184
miR-315	000325	dme-miR-315
miR-375	007201_mat	aca-miR-375
miR-750	008337_mat	cte-miR-750
miR-1984	006673_mat	hru-miR-1984
U6 snRNA	001973	U6 snRNA

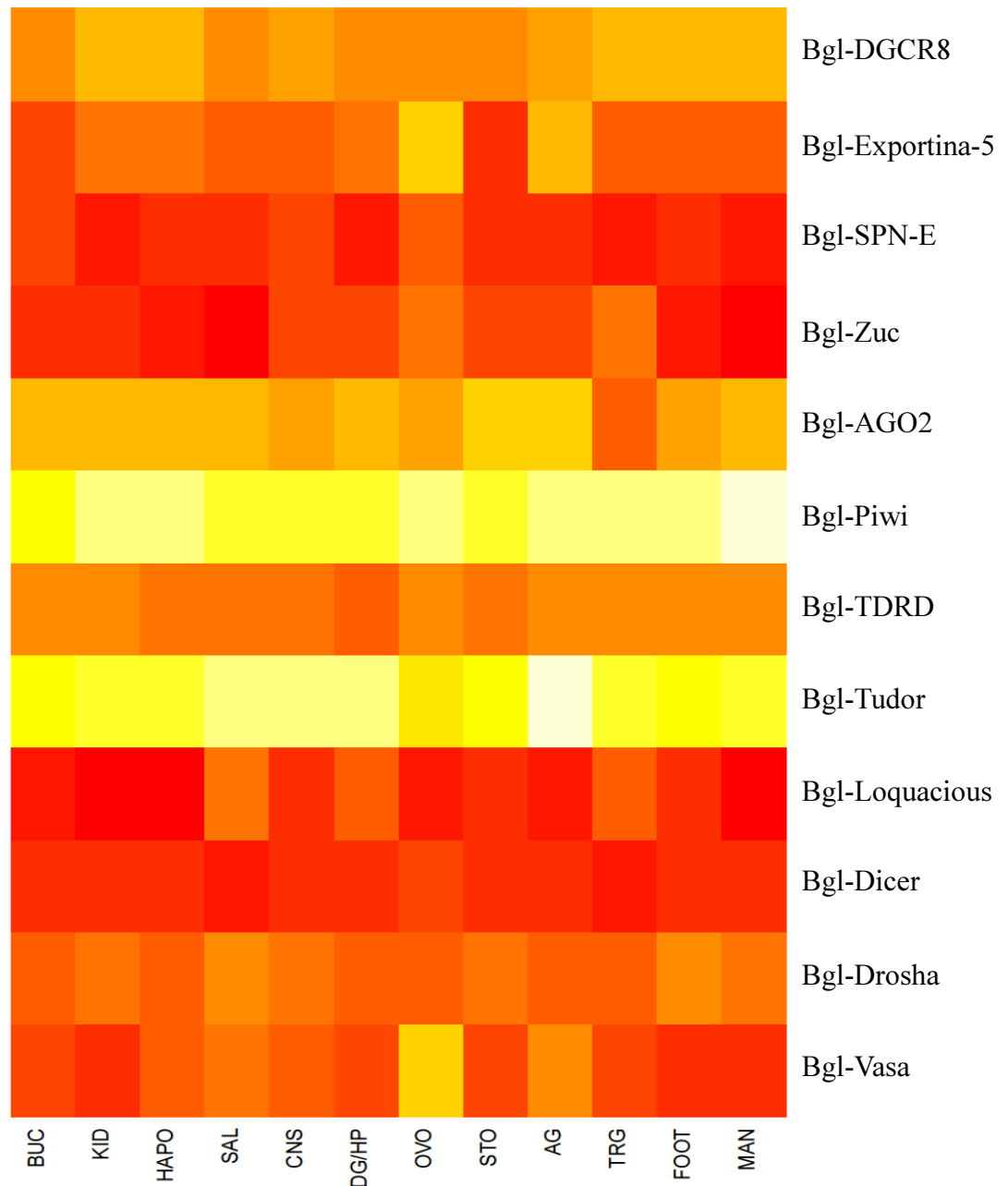
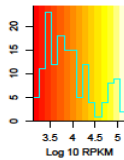
\* Todos os ensaios utilizados foram adquiridos junto à empresa Life Technologies<sup>™</sup>.

### 5.1 AVALIAÇÃO DA VIA DE PEQUENOS RNAs

A via de pequenos RNAs em *B. glabrata* foi identificada, caracterizada e validada. Os resultados obtidos foram publicados no periódico Plos One (Queiroz *et al.*, 2017) (anexo I). Nossos dados mostram que as vias de silenciamento gênico, mediadas por miRNA e piRNAs estão presentes em *B. glabrata* e, são capazes de interferir na biologia do caramujo ao longo de seu ciclo de vida, bem como, interferir na interação *B. glabrata*/*S. mansoni*.

Na avaliação da expressão para os principais genes da via de pequenos RNAs nas 12 bibliotecas sequenciadas de *B. glabrata*, foi possível identificar diferentes perfis para a via de miRNAs e piRNAs (Figura 3). É possível distinguir de forma muito evidente uma super expressão dos genes Bgl-Piwi e Bgl-Tudor em todas os tecidos sequenciados. Mas um ponto interessante se desdobra entre esses dois genes, em praticamente todos os tecidos avaliados, mesmo que ambos estejam superexpressos, a maior expressão de um significa menor expressão do outro. Isso só não é percebido na massa bucal (BUC) e estômago (STO). Embora menos intensa, a expressão de Bgl-Ago2 também se desdobra como maior que os demais genes avaliados. Todos os demais genes avaliados nesta etapa do estudo mostraram um perfil de expressão baixo e constante em todos os tecidos, mas chama a atenção o fato de Bgl-Vasa e Bgl-Exportina-5 diferirem desse perfil apenas nos tecidos ovoteste (OVO) e glândula de albúmen. Esses dois genes mostraram uma super expressão em ovoteste quando comparado aos demais tecidos, o que mostra uma necessidade maior desse gene nesse tecido.

Figura 3



**Expressão dos principais genes da via de pequenos RNAs em doze tecidos de *B. glabrata*.**

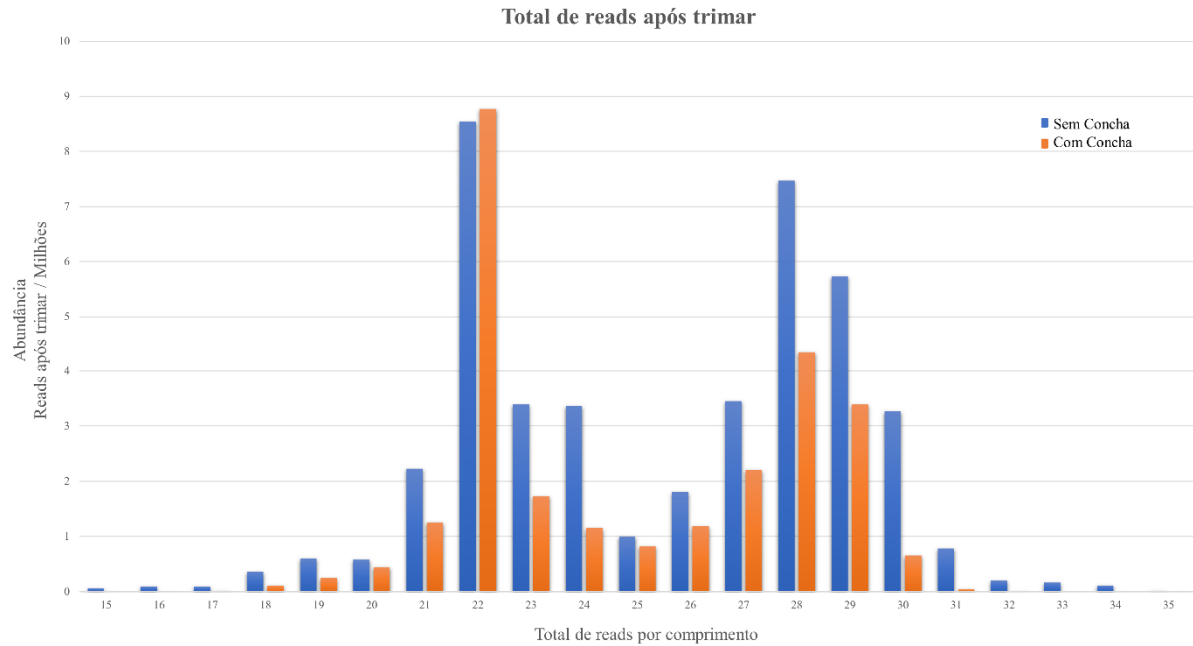
Os principais genes avaliados foram: Bgl-DGCR8 (XM\_013220755.1), Bgl-Exportina-5 (XM\_013232453.1), Bgl-SPN-E (XM\_013211662.1), Bgl-Zuc (XM\_013208224.1), Bgl-AGO2 (XM\_013213009.1), Bgl-Piwi (XM\_013233794.1), Bgl-TDRD (XM\_013207604.1), Bgl-Tudor (XM\_013219214.1), Bgl-Loquacious (XM\_013232608.1), Bgl-Dicer (XM\_013212434.1), Bgl-Drosha (XM\_013213613.1) e Bgl-Vasa (XM\_013241442.1). Esses genes foram avaliados nos seguintes tecidos: massa bucal (BUC), rim (KID), coração, incluindo órgão produtor de amebócitos (HAPO), glândula salivar (SAL), sistema nervoso central (CNS), glândula digestiva/hepatopâncreas (DG/HP), Ototeste (OVO), estômago (STO), glândula de albúmen (AG), genitália terminal (TRG), parte muscular da região cefalopodal (FOOT) e a borda do manto (MAN).

## 5.2 IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DOS miRNAs

O sequenciamento de pequenos RNAs para ambas as amostras, com e sem concha, mostrou um grande número de *reads* com elevada representatividade e diversidade. As *reads* individuais comparadas ao total avaliado mostram uma grande diferença (Tabela 3), o que sugere esta diversidade. Após filtrar as sequências por qualidade e remover os adaptadores, mais de 43 milhões de *reads* foram obtidas da amostra sem concha e mais de 26 milhões para a amostra com concha. Os dois grupos apresentaram o mesmo perfil de distribuição das *reads*, mostrando picos característicos de miRNAs nas sequências compreendidas entre 21 a 24 nucleotídeos e 27 a 30, característico de piRNAs (Figura 4).

**Tabela 3. Número de *reads* obtidas no sequenciamento de pequenos RNAs em *B. glabrata*.**

	Sem concha		Com concha		
	Individual	Total	Individual	Total	
<b><i>Reads</i> (Após trimar)</b>	1123762	44103293	2785427	26488178	
<b><i>Reads</i> selecionadas (15–35 nt)</b>	968931	43290179	2728664	26404729	
<b>Sem <i>match</i> com o genoma</b>	624307	12344582	1759485	7598633	
<b><i>Match</i> com o genoma</b>	344624	30945597	969179	18806096	
<b><i>Match</i> com miRNAs maduros</b>	71	12629502	73	10236064	
<b><i>Match</i> com piRNAs</b>	33377	2696565	209957	3954541	
<b><i>Match</i> com o banco de dados do Rfam</b>	210527	17032569	251260	1938236	
	<b>tRNA</b>	117015	15635721	87557	972458
	<b>rRNA</b>	73865	1192639	124043	718291
	<b>snoRNA</b>	1068	5195	2394	22094
	<b>snRNA</b>	762	22015	960	35491
	<b>outros</b>	17817	176999	36306	189902
<b><i>Reads</i> desconhecidas</b>	879787	11744657	2324137	10359337	

**Figura 4**

**Total de reads obtidas no sequenciamento.** Total de *reads* após retirar sequências de baixa qualidade ( $\text{phred} < 25$ ) e remover adaptadores. Observa-se um pico característico de miRNAs nas sequências de 21 a 24 nucleotídeos e outro pico entre as sequências 27 a 30, característico de piRNAs.

Para encontrar o repertório de miRNAs nas amostras sequenciadas, as sequências preditas de precursores e maduros (Adema *et al.*, 2017) foram utilizadas como referência para o *software* miRDeep2, juntamente com todos os miRNAs de animais disponíveis no banco de dados do miRBase. Como resultado, 71 precursores já descritos por Adema e colaboradores (2017) foram identificados como precursores para 94 miRNAs maduros nas amostras sequenciadas (Tabela 4).



Tabela 4. Caracterização dos miRNAs maduros em *B. glabrata*.

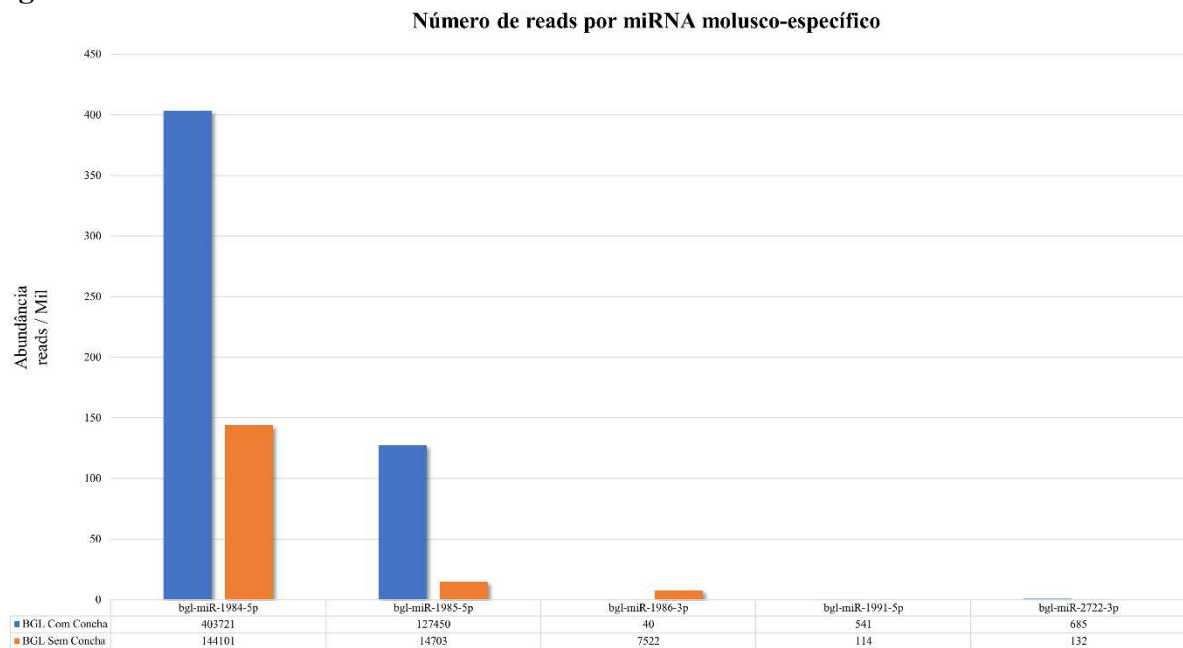
Precursor	Tamanho	miRNA maduro	Sequências do miRNA maduro	Tamanho do miRNA maduro	Início e fim no precursor	Ortólogo maduro	Número de mismatches com o miRNA ortólogo
bgl-mir-let-7	68	bgl-mir-let-7-5p	ugagguaguagguuguauuguu	22	2-23	cel-miR-let-7-5p	1
bgl-mir-1a	108	bgl-mir-miR-1a-3p	uggaauguaaagaaguauuguu	22	69-90	mmu-miR-1a-3p	0
		bgl-mir-miR-1a-5p	acauacuucuuugcuaucccau	22	32-53	mmu-miR-1a-5p	4
bgl-mir-2a-1	90	bgl-mir-2a-1-3p	uaucaagccagcuuugaugagcg	24	54-77	api-miR-2a	0
bgl-mir-2a-2	86	bgl-mir-2a-2-3p	uaucaagccagcuuugauga	21	52-72	dme-miR-2a-3p	0
		bgl-mir-2a-2-5p	cguaagcgguugugaugug	21	16-36	asu-miR-2a-5p	4
bgl-mir-2b	99	bgl-mir-2b-3p	uaucaagcagcuuugaugagcu	24	57-81	aae-miR-2b	1
bgl-mir-2d	89	bgl-mir-2d-3p	uaucaagccugcuuggaucagu	23	53-75	lgi-miR-2d	0
bgl-mir-7	94	bgl-mir-7-3p	cauaaaucacaauuc	18	57-74	bbe-miR-7-3p	2
		bgl-mir-7-5p	uggaagacuaguguuuaguuguu	24	18-41	ssc-miR-7	1
bgl-mir-8	99	bgl-mir-8-3p	uaauacugucagguaaauguc	23	63-85	dme-miR-8-3p	0
		bgl-mir-8-5p	cgucuauaccuagcagcauugga	22	18-39	dvi-miR-8-5p	4
bgl-mir-9a	75	bgl-mir-9a-3p	auaaagcuagguuaccaaaggc	23	47-68	lgi-miR-9-3p	0
		bgl-mir-9a-5p	ucuuugguuauaucugcuuauga	22	9-31	dme-miR-9a-5p	0
bgl-mir-9b	75	bgl-mir-9b-3p	auaaagcuagguuaccaaaggc	22	47-68	lgi-miR-9-3p	0
		bgl-mir-9b-5p	cuuugguaaccuagcuuuuuga	22	1-23	ame-miR-9b	2
bgl-mir-12	77	bgl-mir-12-5p	ugaguauuacuucagguacug	21	10-30	bmo-miR-12	0
bgl-mir-29a	58	bgl-mir-29a-3p	uagcaccuuuugaaaucaguuu	22	62-83	cte-miR-29a	0
bgl-mir-29b	87	bgl-mir-29b-3p	uagcaccuuuugaaaucaguuu	23	55-77	bfl-miR-29b-3p	0
bgl-mir-33	87	bgl-mir-33-3p	caaugucucugcagugcaau	20	52-71	oan-miR-33a-3p	2
		bgl-mir-33-5p	gugcauuuguaguugcauugcgug	23	18-40	tca-miR-33-5p	1
bgl-mir-34	87	bgl-mir-34-3p	caaccacucuccacauuaccgcc	23	51-73	aae-miR-34-3p	5
		bgl-mir-34-5p	uggcagugugguuagcugguugu	23	17-39	dme-miR-34-5p	0
bgl-mir-36a	92	bgl-mir-36a-3p	ucaccggguauacauuaccg	20	56-75	asu-miR-36a-3p	0
bgl-mir-67-1	82	bgl-mir-67-1-5p	ucacaaccugcuuugaugaggac	23	23-45	lgi-miR-67	0
bgl-mir-67-2	82	bgl-mir-67-2-3p	ucacaaccugcuuugaugaggac	23	50-72	lgi-miR-67	1
bgl-mir-71	89	bgl-mir-71-5p	ugaagacauggguagugagaug	23	18-40	cte-miR-71	0
bgl-mir-72	85	bgl-mir-72-3p	agcugugucauauguugcca	20	52-71	str-miR-72-3p	4
		bgl-mir-72-5p	aggcaagauguuggcauagcuga	23	25-37	cel-miR-72-5p	0
bgl-mir-87b-1	106	bgl-mir-87b-1-3p	gugagcaaaguucagguguau	22	60-81	cte-miR-87b	0
bgl-mir-87b-2	99	bgl-mir-87b-2-3p	gugagcaaaguucagguguau	22	59-80	cte-miR-87b	0
bgl-mir-92	100	bgl-mir-92-3p	aaugcacucguccggccugc	22	60-81	dpu-miR-92	0

<b>bgl-mir-92a</b>	89	bgl-mir-92a-3p	uauugcacuuuuccaggccuuu	22	56-77	bfl-miR-92a	2
<b>bgl-mir-92a-1</b>	97	bgl-mir-92a-1-3p	uauugcacuuuuccggccugu	22	57-78	hsa-miR-92a-3p	2
<b>bgl-mir-92b</b>	90	bgl-mir-92b-3p	aaauugcacuaauccggccuac	22	54-75	dme-miR-92b-3p	2
<b>bgl-mir-96a</b>	74	bgl-mir-96a-5p	cuuggcacuggcggaauaguca	22	10-31	lgi-miR-96a	1
<b>bgl-mir-96b</b>	88	bgl-mir-96b-5p	auuuggcacuuggaauaaucg	23	16-38	lgi-miR-96b	0
<b>bgl-mir-100</b>	94	bgl-mir-100-3p	acaaguugcaucuauggguaug	23	58-80	tgu-miR-100-3p	4
		bgl-mir-100-5p	aaccgugaaccgaacuugugc	23	17-39	oha-miR-100-5p	1
<b>bgl-mir-124</b>	97	bgl-mir-124-3p	uaaggcacgcgugaaugccaaag	23	57-79	dme-miR-124-3p	0
		bgl-mir-124-5p	cgcguucacugggucagccuug	22	20-41	tur-miR-124-1-5p	5
<b>bgl-mir-125</b>	89	bgl-mir-125-5p	ucccugagaccuaauuugug	21	20-40	dme-miR-125-5p	2
<b>bgl-mir-133</b>	91	bgl-mir-133-3p	uuuggucccucaaucaguugua	24	57-80	efu-miR-133-3p	2
		bgl-mir-133-5p	agcugguugaauucggcctaaau	23	17-39	lgi-miR-133-5p	2
<b>bgl-mir-137</b>	86	bgl-mir-137-3p	uuauugcuugagaauacacgua	22	52-73	ame-miR-137	0
		bgl-mir-137-5p	acggguauucuggguaaaauau	23	15-37	oha-miR-137-5p	1
<b>bgl-mir-153</b>	98	bgl-mir-153-3p	uugcauagucacaaaagugauc	22	59-80	mmu-miR-153-3p	0
<b>bgl-mir-184</b>	124	bgl-mir-184-3p	acuggacggagaacugauaagggc	24	72-95	bmo-miR-184-3p	0
<b>bgl-mir-190</b>	91	bgl-mir-190-5p	agauauguuugauauuuuggugg	24	18-41	cte-miR-190	0
<b>bgl-mir-193</b>	84	bgl-mir-193-3p	uacuggccuucacaaaucctaa	21	52-72	lgi-miR-193	1
<b>bgl-mir-199a</b>	94	bgl-mir-199a-3p	gcaguagucgacauuguuua	22	62-83	mmu-miR-199a-3p	2
<b>bgl-mir-216a</b>	77	bgl-mir-216a-5p	uaaucucagcugguaauucagag	23	10-32	lgi-miR-216a	1
<b>bgl-mir-216b</b>	72	bgl-mir-216b-5p	uaauaucagcugguaauucagag	23	9-31	lgi-miR-216b	0
<b>bgl-mir-219a</b>	98	bgl-mir-219a-3p	agaacuguguggacaucau	22	50-69	ipu-miR-219a	4
		bgl-mir-219a-5p	ugauuguccaaacgcaauucuu	23	22-44	ssa-miR-219a-5p	0
<b>bgl-mir-252a</b>	99	bgl-mir-252a-5p	cuaaguacuggugcccgaggga	21	24-44	lgi-miR-252a	0
<b>bgl-mir-252b</b>	91	bgl-mir-252b-3p	accugcacaccggugcuua	19	55-73	str-miR-252b-3p	3
		bgl-mir-252b-5p	auaaguaguggugccgcaggua	22	18-39	lgi-miR-252b	0
<b>bgl-mir-277a</b>	99	bgl-mir-277a-3p	uaauugcauuauucugguau	21	60-80	cte-miR-277a	1
<b>bgl-mir-278</b>	102	bgl-mir-278-3p	ucggugggacuuucguucguuu	22	62-83	sko-miR-278	0
<b>bgl-mir-279</b>	92	bgl-mir-279-3p	ugacuagaucacacucaacca	22	55-76	lgi-miR-279	0
		bgl-mir-279-5p	gauggcuguuggucuggucaug	23	19-41	tca-miR-279b-5p	4
<b>bgl-mir-281</b>	71	bgl-mir-281-3p	acugucauggaguucucucuu	22	42-63	bmo-miR-281-3p	0
		bgl-mir-281-5p	aaggagcauccgucgacagu	21	9-29	lgi-miR-281-5p	1
<b>bgl-mir-315</b>	80	bgl-mir-315-5p	uuuugauuguugcucagaagcc	23	11-33	cte-miR-315	0
<b>bgl-mir-317</b>	98	bgl-mir-317-3p	ugaacacagcugguguaucuuau	24	56-79	lgi-miR-317	1
<b>bgl-mir-375</b>	100	bgl-mir-375-3p	uuuguucguucggcucgcguuau	23	61-83	bbe-miR-375-3p	0
<b>bgl-mir-745a</b>	94	bgl-mir-745a-3p	agcugccugaugaagagcugu	21	55-75	lgi-miR-745a	0
<b>bgl-mir-745b</b>	76	bgl-mir-745b-3p	agcugccaaaugaaggcgugu	21	49-69	lgi-miR-745b	0

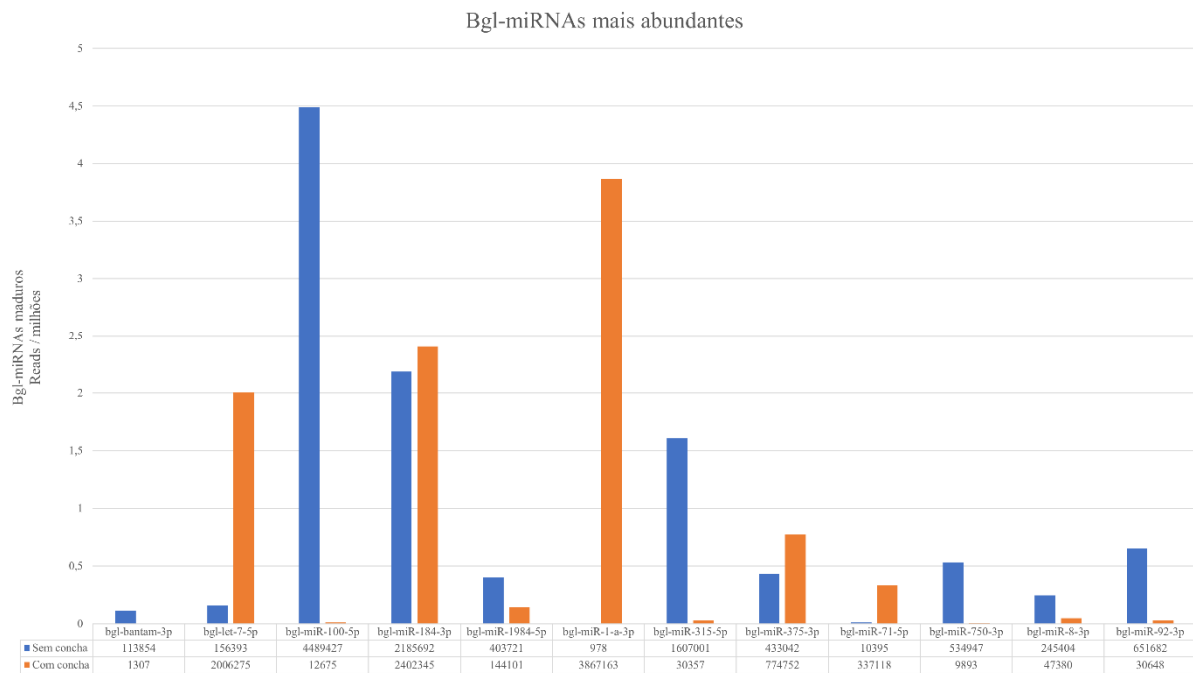
<b>bgl-mir-750</b>	100	bgl-mir-750-3p	ccagaucuaacucuccagcuca	23	60-82	cte-miR-750	0
		bgl-mir-750-5p	cguuggaggauuggaucuuagc	22	22-43	tca-miR-750-5p	5
<b>bgl-mir-981</b>	82	bgl-mir-981-3p	uucguugucgucgaaaccugccu	23	50-72	cte-miR-981	1
<b>bgl-mir-1175</b>	96	bgl-mir-1175-3p	ugagauucaacuccuccaacugc	23	59-81	cte-miR-1175-3p	0
		bgl-mir-1175-5p	aguggagagaguuuuauucucu	22	18-39	cte-miR-1175-5p	0
<b>bgl-mir-1260</b>	76	bgl-mir-1260-3p	aucccaccgcugccacca	18	50-67	cgr-miR-1260	0
<b>bgl-mir-1984</b>	80	bgl-mir-1984-5p	ugcccauaccgucaggaacugug	23	9-31	hru-miR-1984	0
<b>bgl-mir-1985</b>	88	bgl-mir-1985-5p	ugccauuuuuauacagucacugug	23	17-39	hru-miR-1985	0
<b>bgl-mir-1986</b>	77	bgl-mir-1986-3p	uggauuuuccaagaucgugau	22	57-68	hru-miR-1986	0
<b>bgl-mir-1990</b>	95	bgl-mir-1990-3p	cgggacuacgucaacu	16	56-71	cte-miR-1990c-3p	2
		bgl-mir-1990-5p	aguaaguugauggggucuccagg	22	20-41	hru-miR-1990	0
<b>bgl-mir-1991</b>	95	bgl-mir-1991-5p	cuuaccuguuauacugagaagu	23	16-38	hru-miR-1991	3
<b>bgl-mir-1992</b>	97	bgl-mir-1992-3p	ucagcaguuguccacugauuug	23	59-81	lgi-miR-1992	0
<b>bgl-mir-1993</b>	71	bgl-mir-1993-3p	uauuauugcugcuauucagaga	22	45-66	cte-miR-1993	1
<b>bgl-mir-1994a</b>	86	bgl-mir-1994a-3p	ugagacaguguguccuccuug	22	53-74	lgi-miR-1994a	0
<b>bgl-mir-1994b</b>	87	bgl-mir-1994b-3p	ugagacagugcuguccuccuca	22	51-72	lgi-miR-1994b	1
<b>bgl-mir-2001</b>	100	bgl-mir-2001-5p	uugugaccguuauaauugggcauu	23	20-42	lgi-miR-2001	0
<b>bgl-mir-2722</b>	72	bgl-mir-2722-3p	uggcgcguggaaacauacc	22	51-72	lgi-miR-2722	0

Os miRNAs maduros identificados no sequenciamento revelam um conjunto de cinco miRNAs molusco-específicos (Figura 5). Além disso, alguns miRNAs se destacaram por se mostrarem consideravelmente abundantes, como bgl-bantam, bgl-mir-let-7, bgl-mir-100, bgl-mir-184, bgl-mir-71, bgl-mir-1984, bgl-mir-1, bgl-mir-315, bgl-mir-375, bgl-mir-750, bgl-mir-8 e bgl-mir-92. Isto se torna ainda mais significativo quando observamos que estes miRNAs representam 86 % do total de sequências da amostra sem concha e 94 % da amostra com concha (Figura 6), sugerindo que estes miRNAs são importantes candidatos em estudos envolvendo a biologia do molusco.

**Figura 5**



**Abundância de miRNAs molusco-específicos em *B. glabrata*.** Observa-se uma grande diferença entre as amostras sequenciadas para os miRNAs identificados como molusco-específicos.

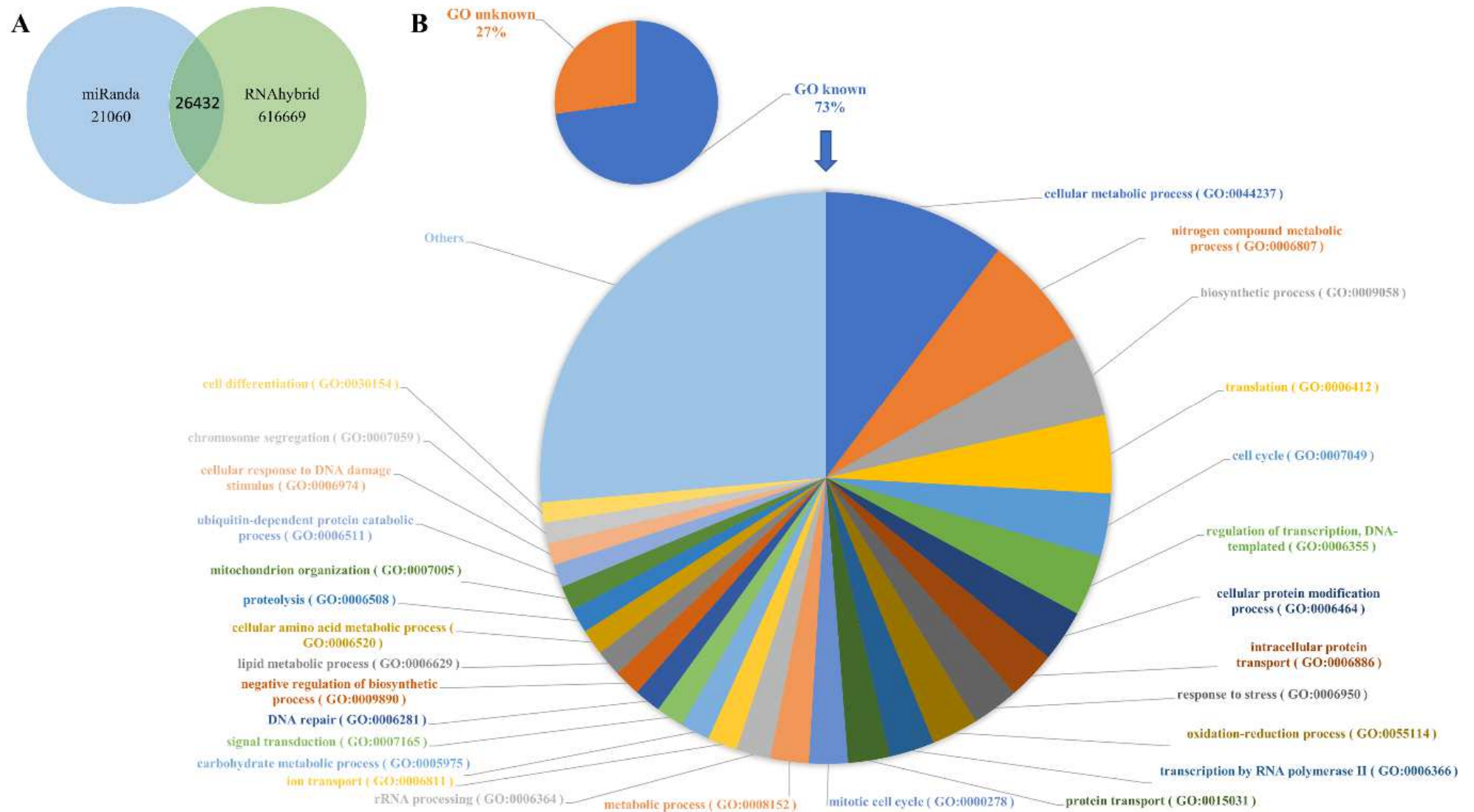
**Figura 6**

**Bgl-miRNAs mais abundantes nas amostras sequenciadas.** Relação dos miRNAs mais abundantes nas amostras com e sem concha.

### 5.3 IDENTIFICAÇÃO DE ALVOS DE miRNAs EM *B. glabrata*

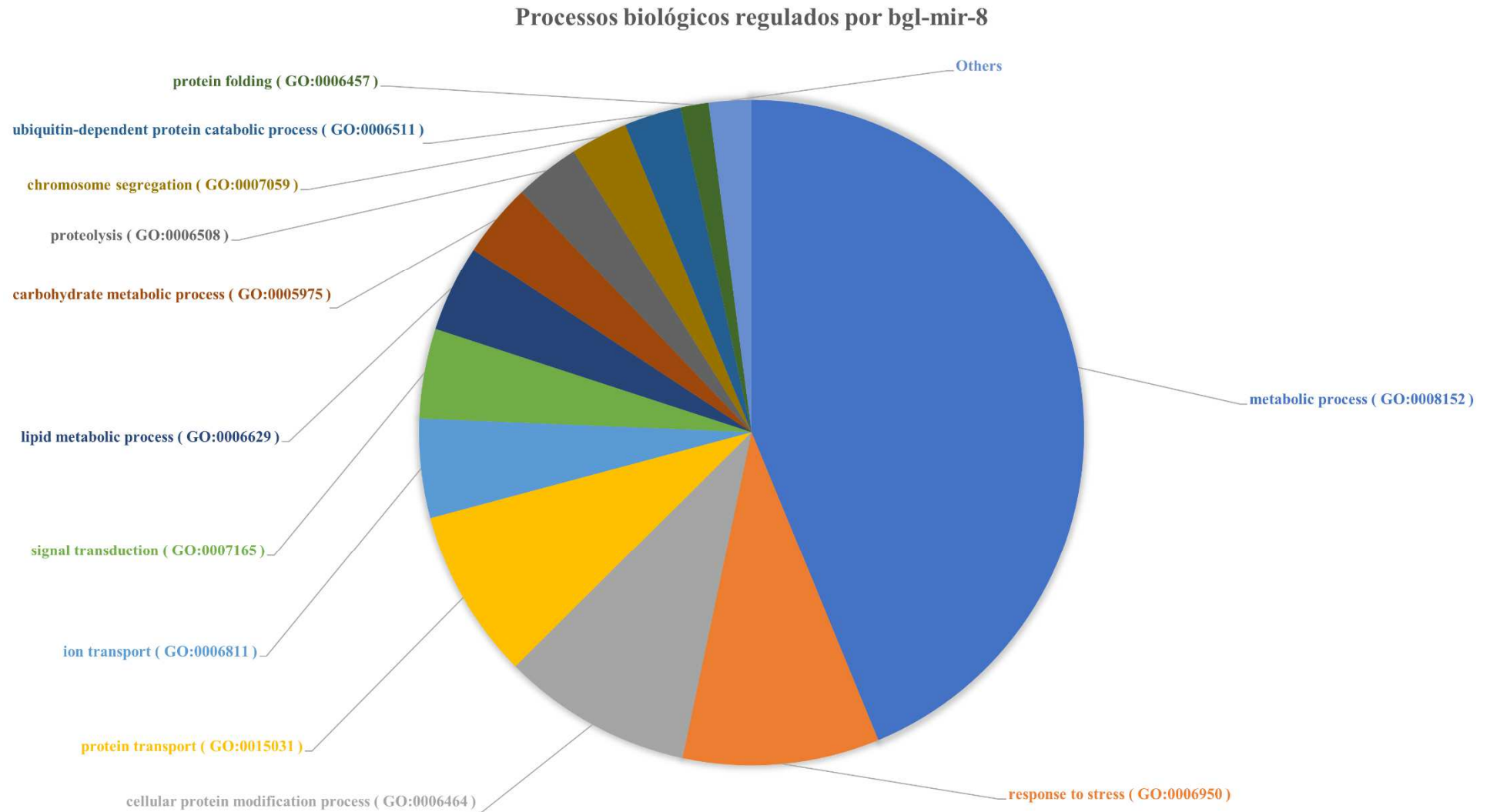
Todos os Bgl-miRNAs maduros identificados mostraram reconhecer genes alvo em *B. glabrata*, mas apenas alvos que foram preditos em ambos os *softwares* utilizados, miRanda e RNAhybrid, foram considerados como prováveis alvos verdadeiramente positivos (por se tratar de resultado demasiadamente robusto, apenas os resultados resumidos para os Bgl-miRNAs demonstrados na figura 5 estão dispostos no anexo II desse documento). Para diminuir as chances de ocorrerem falsos positivos na predição de alvos, não foram aceitos *mismatches* na região de pareamento da *seed region* – 2 a 8 nucleotídeos do miRNA maduro e sua respectiva região de pareamento da sequência 3'UTR alvo. Mais de 40.000 alvos foram preditos utilizando o *software* miRanda e mais de 640.000 utilizando o RNAhybrid. Contudo, como foram considerados apenas alvos preditos em ambos os *softwares*, apenas 26.432 genes alvo foram considerados, aumentando a confiabilidade da predição dos alvos de miRNAs e diminuindo os falsos positivos (Figura 7 A). Dos alvos preditos, 73 % apresentavam ontologias gênicas conhecidas (GO) e foram utilizados para inferir os processos biológicos que os Bgl-miRNAs estão envolvidos (Figura 7 B). A predição de alvos dos Bgl-miRNAs mais abundantes mostrou que os alvos preditos nesse estudo são coerentes com o encontrado na literatura e mostraram regular processos biológicos no molusco, como processos metabólicos, regulação do ciclo celular, transcrição e tradução (Figura 8). Alguns dos mais destacados Bgl-miRNAs são mostrados em destaque exemplificando os principais processos biológicos regulados por eles no molusco (Figuras 8 a 14).

Figura 7



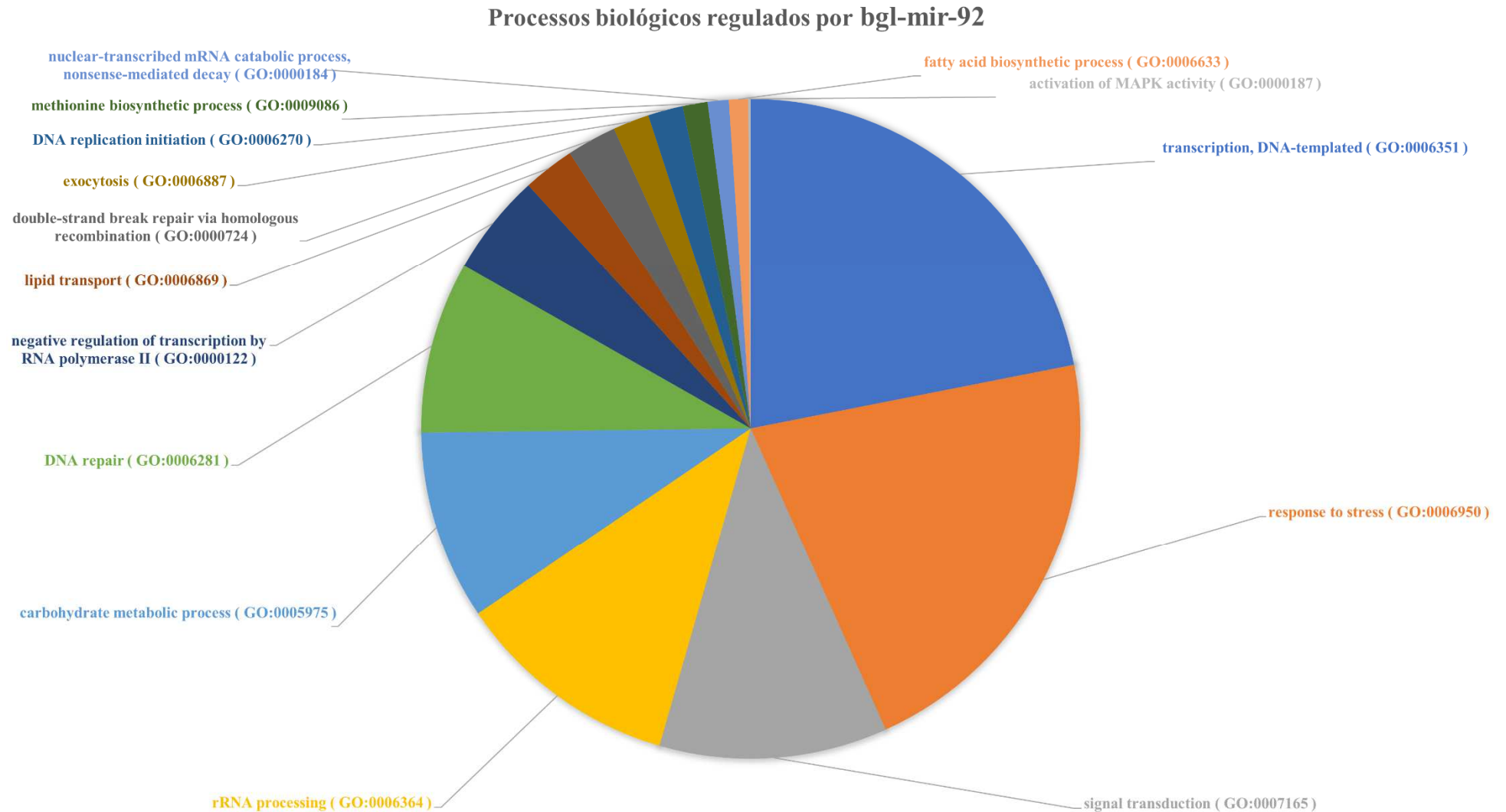
**Processos biológicos regulados por miRNAs em *B. glabrata*.** **A:** 47492 prováveis genes alvo foram preditos com miRanda nas regiões 3'UTR de *B. glabrata* e 643101 com RNAhybrid. Desses, apenas 26432 foram comuns para ambos os *softwares*; **B:** Para os alvos considerados, apenas 73 % apresentavam GO conhecida e para eles foram inferidas suas funções biológicas.

Figura 8



**Processos biológicos regulados por bgl-mir-8.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-8 com destaque para processos metabólicos e resposta ao estresse.

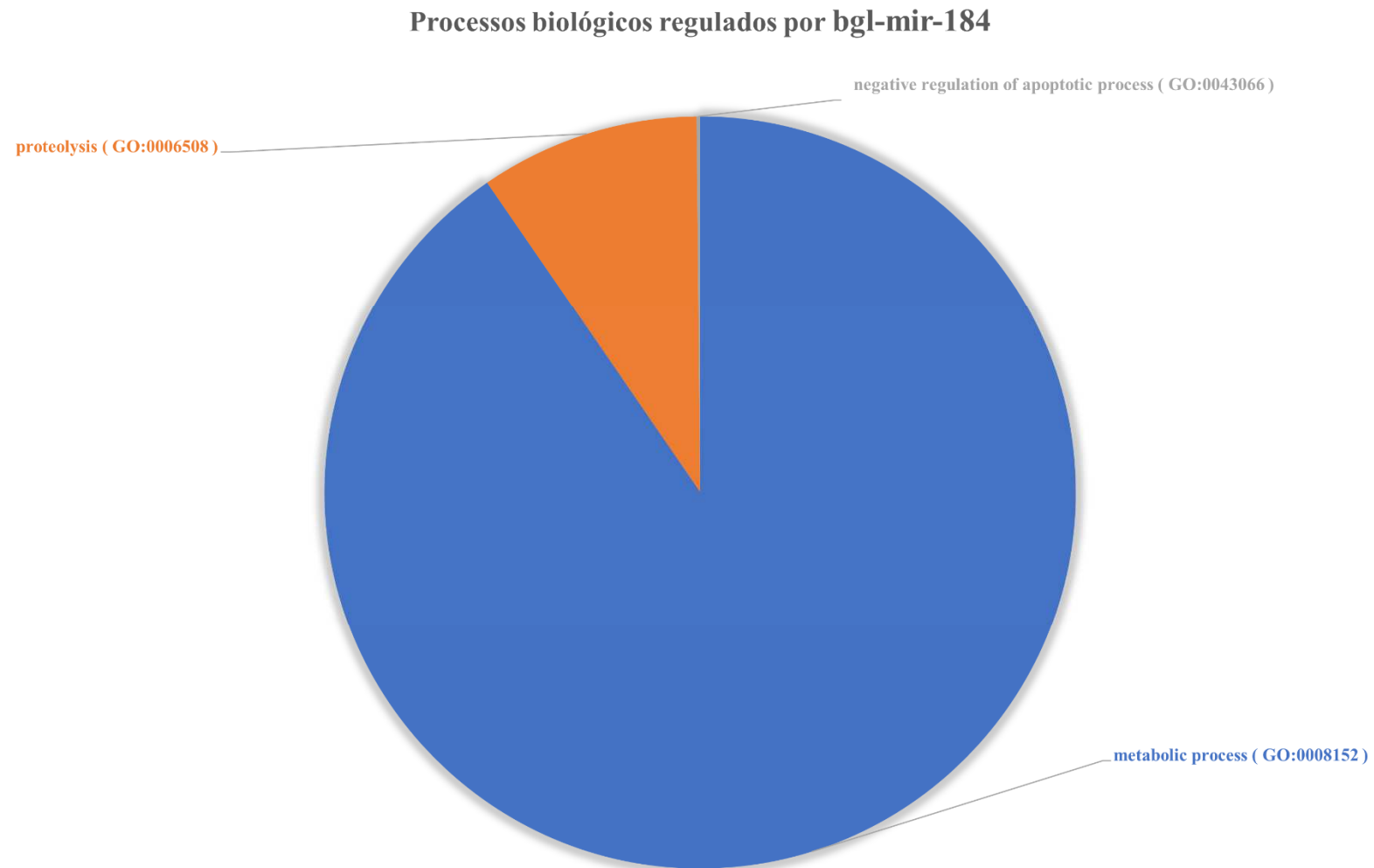
Figura 9



**Processos biológicos regulados por bgl-mir-92.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-92 com destaque para resposta ao estresse e processamento de ácidos nucléicos.

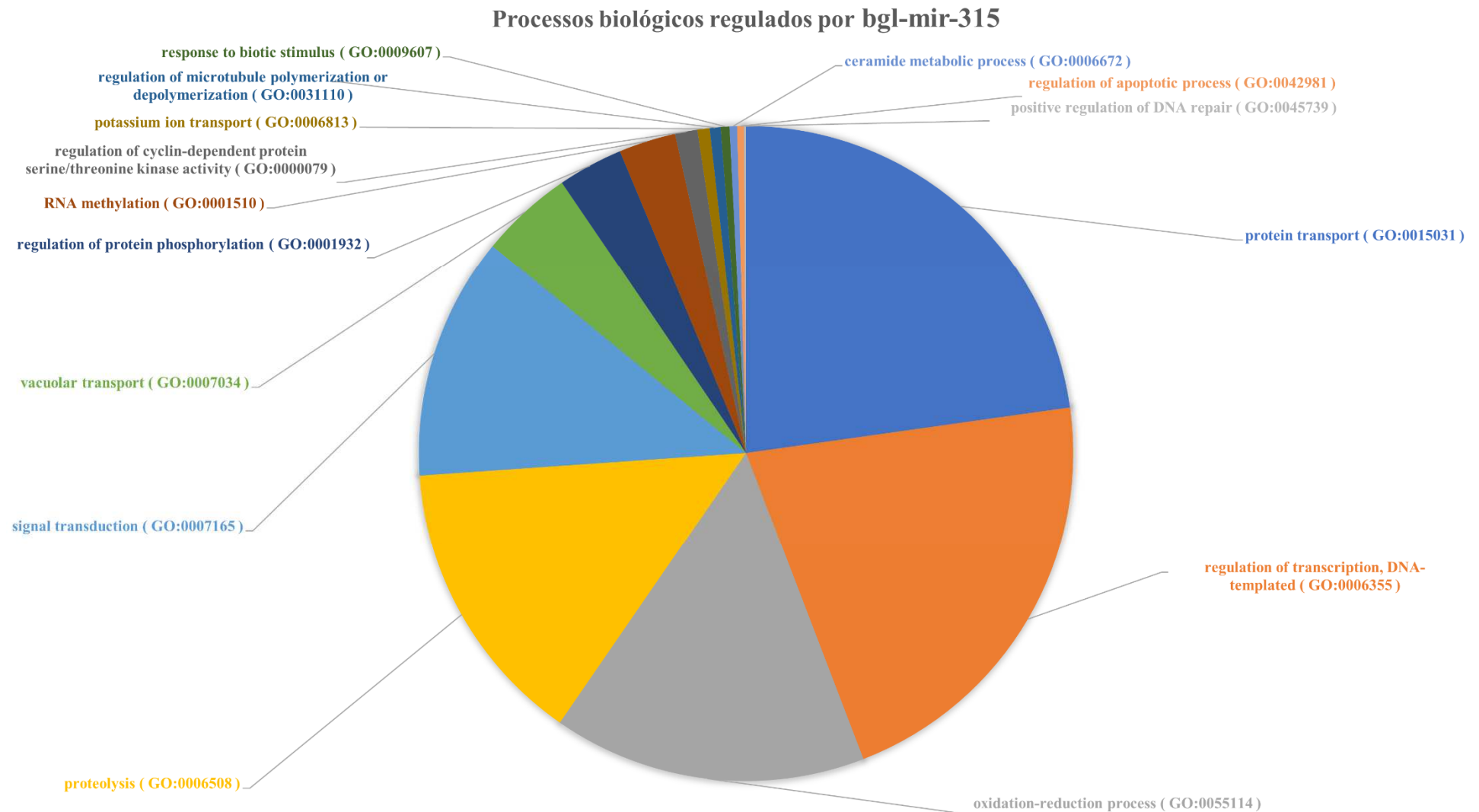


Figura 10



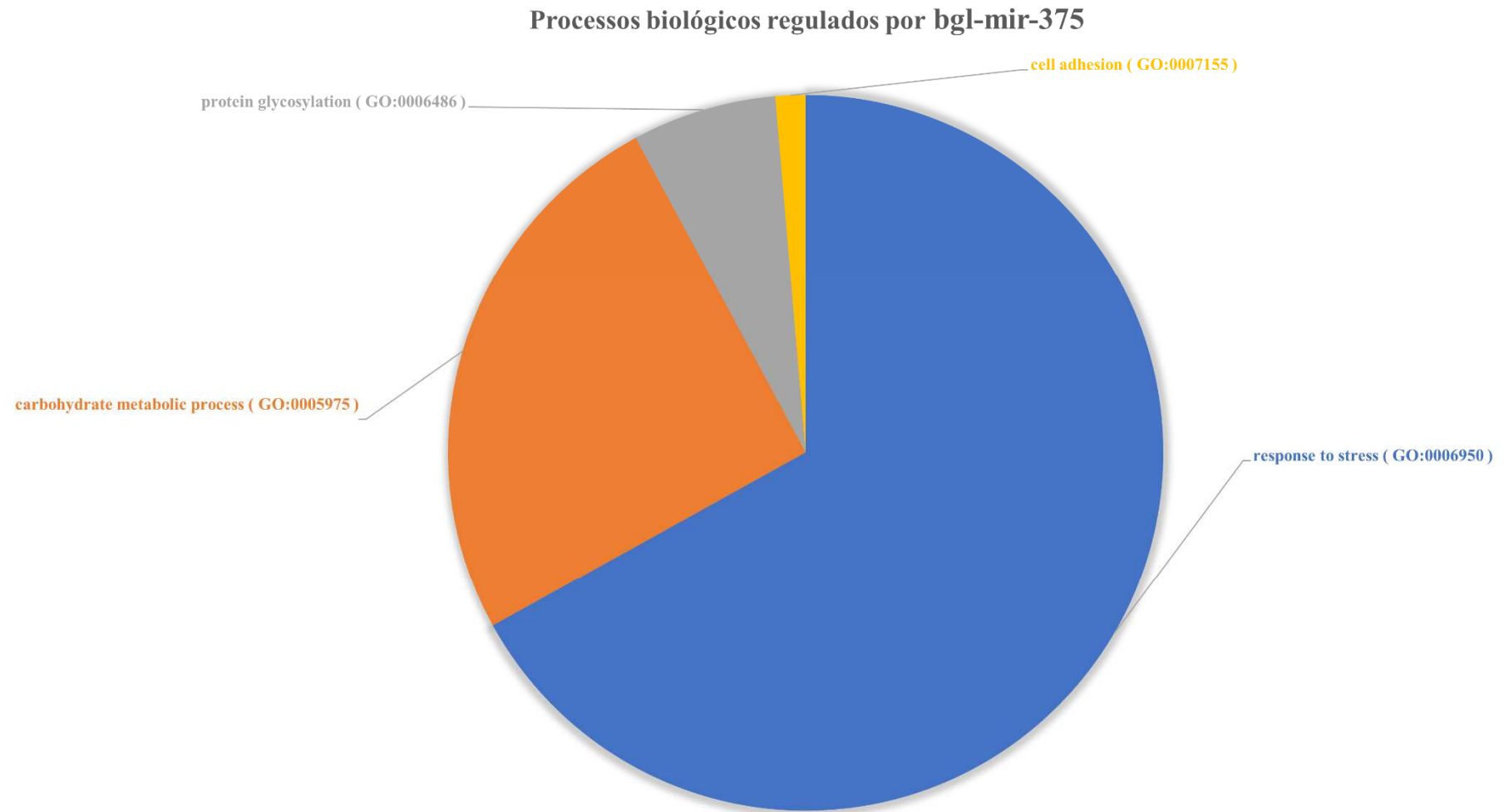
**Processos biológicos regulados por bgl-mir-184.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-184 com destaque para processos metabólicos, proteólise e apoptose.

Figura 11



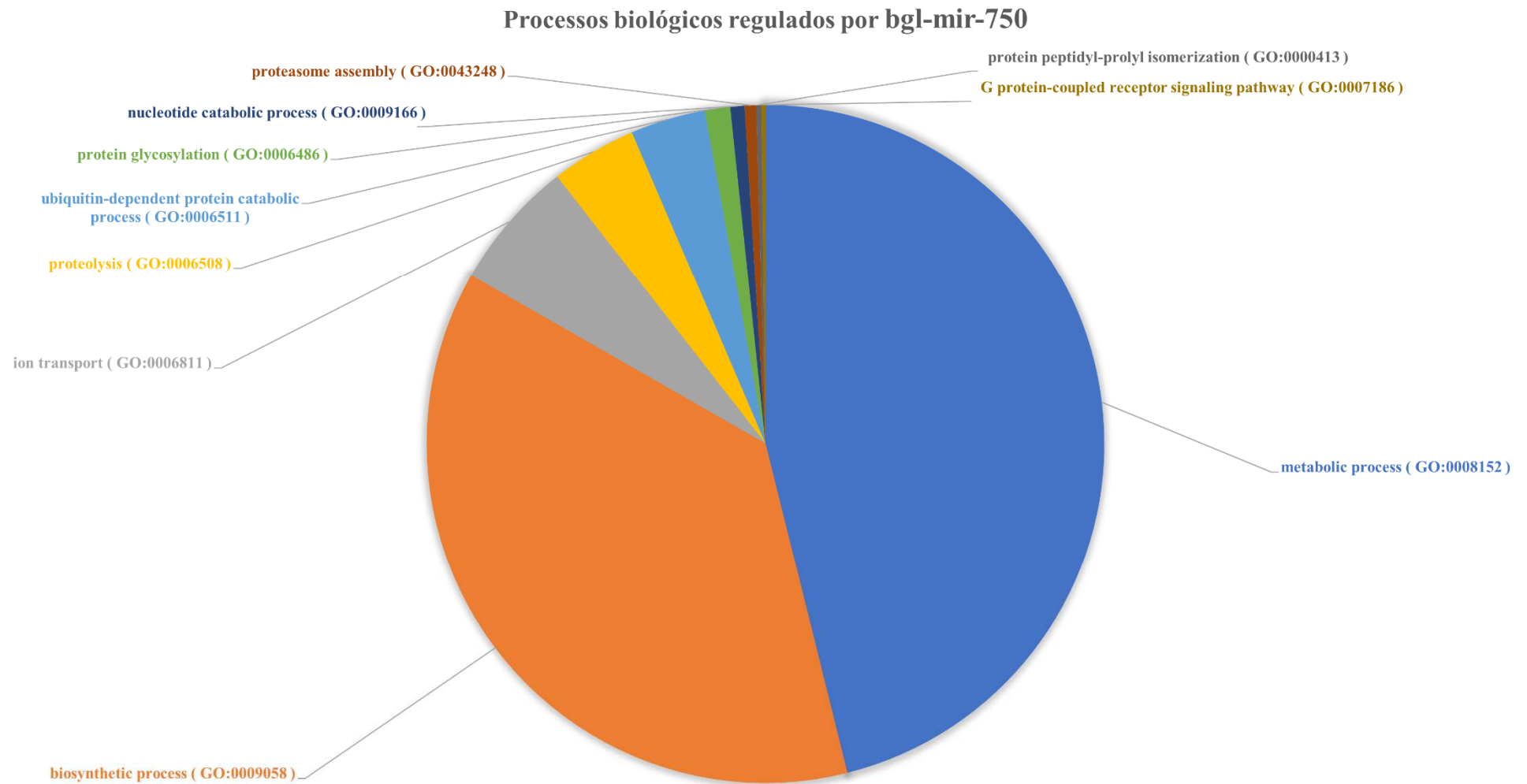
**Processos biológicos regulados por bgl-mir-315.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-315 com destaque para proteínas de transporte, processos imunes e regulação da transcrição.

Figura 12



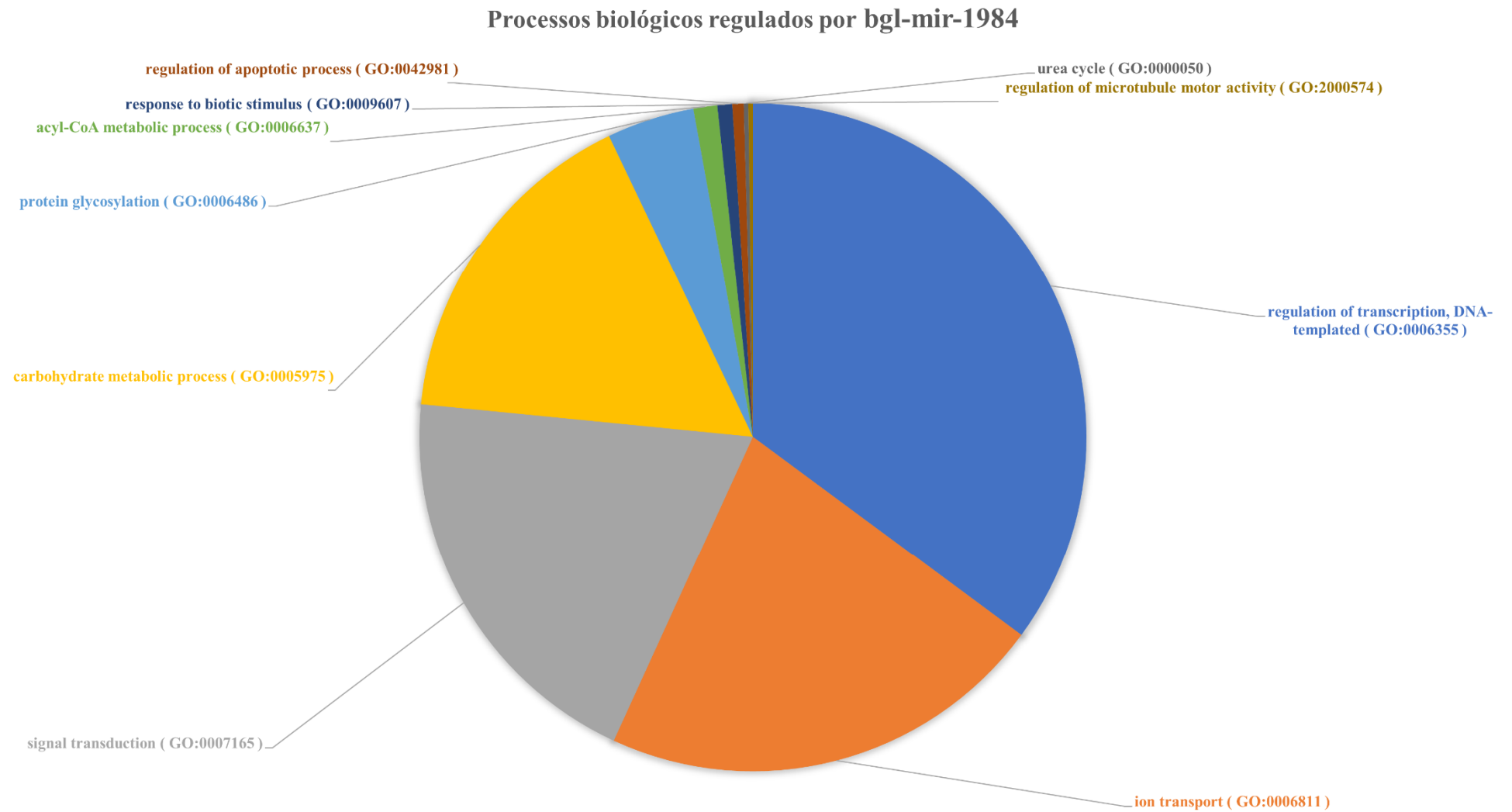
**Processos biológicos regulados por bgl-mir-375.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-375 com destaque para resposta ao estresse.

Figura 13



**Processos biológicos regulados por bgl-mir-750.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-750 com destaque para processos metabólicos e processos de biossíntese.

Figura 14



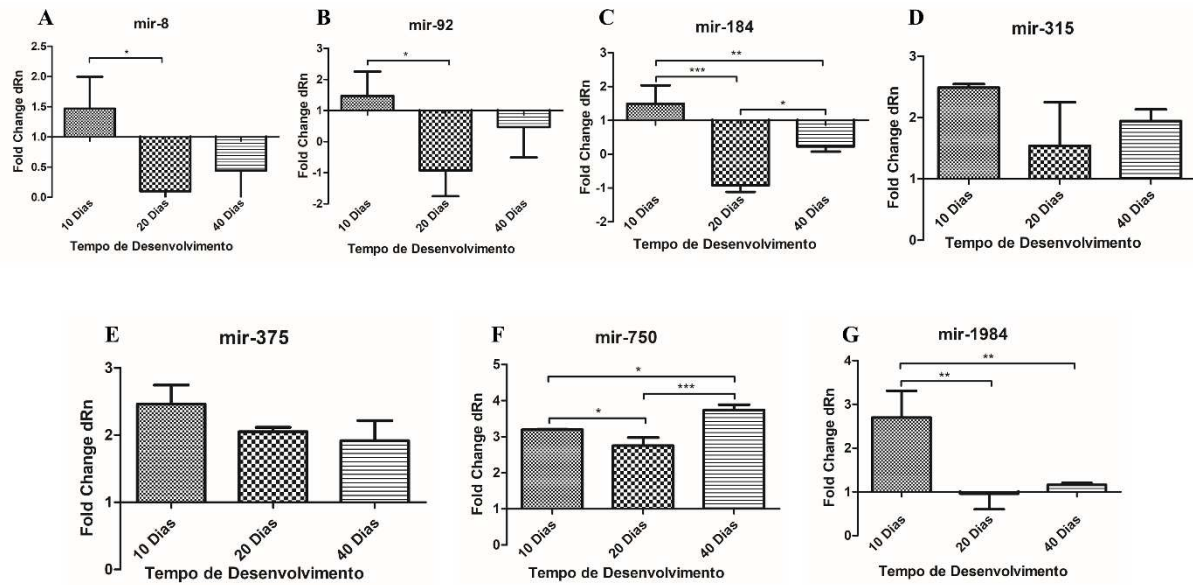
**Processos biológicos regulados por bgl-mir-1984.** Processos biológicos regulados por bgl-mir-1984 com destaque para processos metabólicos, estímulos de membrana e regulação da transcrição.

#### 5.4 VALIDAÇÃO DOS miRNAs POR RT-qPCR

Foram selecionados sete miRNAs que se destacaram por estarem mais abundantes nas análises de sequenciamento e serem fortemente conservados em animais, para validarmos seu perfil de expressão por qPCR. Foi avaliada a influência desses miRNAs em diferentes períodos de desenvolvimento de *B. glabrata*: 10 dias, que representa caramujos jovens e imaturos sexualmente; 20 dias, que representa o período de transição para a maturidade sexual, além de 40 dias, que representa a fase adulta, madura sexualmente. Esses três momentos foram comparados com o período de desova, que foi utilizado como controle dessa reação. O período de maturidade sexual de caramujos *B. glabrata* é pouco explorado na literatura, e utiliza-se o diâmetro da concha como padrão para estabelecer se o indivíduo é adulto ou jovem (Pimentel, 1957). Neste trabalho, optou-se por utilizar uma abordagem mais precisa e coerente, por esse motivo foram utilizados dias como padrão temporal para marcar os períodos de maturidade sexual.

O perfil observado para a expressão dos miRNAs mostrou diferenças significantes nos tempos avaliados, principalmente para bgl-mir-184 (Figura 15 C) e bgl-mir-750 (Figura 15 F) que mostraram uma assinatura distinta em todos os momentos avaliados. Para bgl-mir-184, o tempo de 20 e 40 dias são marcados por uma significativa sub-expressão. Já com bgl-mir-750, todos os momentos são de intensa super-expressão. Para bgl-mir-8 (Figura 15 A) e bgl-mir-92 (Figura 15 B) existe apenas diferença significativa entre os grupos 10 e 20. Contudo, este perfil é o mesmo observado em bgl-mir-184. Em bgl-mir-1984 (Figura 15 E) uma forte e significativa diferença é mostrada entre o grupo 10 dias e os grupos 20 e 40 dias. Não foram detectadas diferenças significantes para bgl-mir-315 e bgl-mir-375 em nenhum dos grupos avaliados (Figuras 15 D e E).

Figura 15

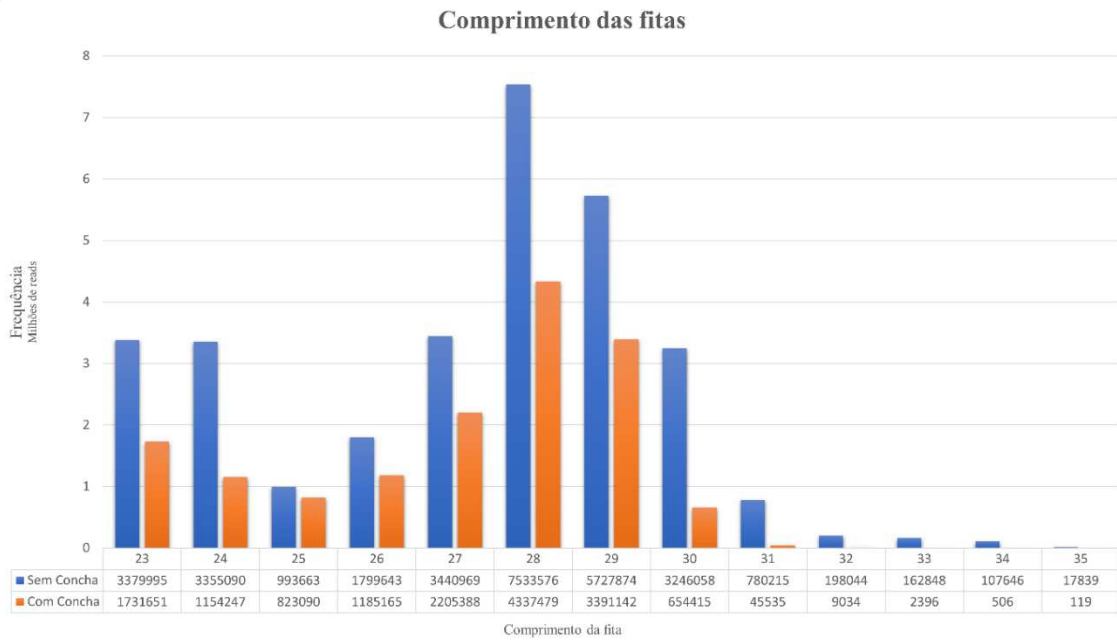


**Expressão relativa dos miRNAs em diferentes tempos de desenvolvimento de *Biomphalaria glabrata*.** **A** – mir-8 está significativamente superexpresso aos 10 dias em relação a 20 dias de desenvolvimento; **B** - mir-92 está significativamente superexpresso aos 10 dias em relação a 20 dias de desenvolvimento; **C** – mir-184 está diferencialmente expresso em todos os tempos de desenvolvimento; **D** – mir-315 está superexpresso em todos os tempos de desenvolvimento; **E** – mir-375 está superexpresso em todos os tempos de desenvolvimento; **F** – mir-750 está diferencialmente expresso em todos os tempos de desenvolvimento; **G** – mir-1984 está significativamente superexpresso aos 10 dias de desenvolvimento em relação a 20 e 40 dias.

## 5.5 IDENTIFICAÇÃO DE PROVÁVEIS piRNAs EM *B. glabrata*

Para a avaliação do repertório de piRNAs em *B. glabrata*, as sequências do sequenciamento de pequenos RNAs foram filtradas mantendo apenas aquelas de comprimento entre 23 a 35 nucleotídeos. O perfil das sequências nesta faixa mostrou uma forte distribuição de *reads* com comprimento de 27 a 30 nucleotídeos em ambas bibliotecas (Figura 16). As sequências correspondentes aos prováveis Bgl-piRNAs foram analisadas utilizando ProTrac, que prediz e analisa *clusters* de piRNA no genoma baseado no mapeamento das *reads* no genoma referência (Rosenkranz e Zischler, 2012). Assinaturas típicas de piRNAs, como 1 U ou 10 A na sequência, são usados como forte evidência de prováveis piRNAs. Nossos resultados mostraram uma grande diferença entre as bibliotecas, com 195 preditos *clusters* na biblioteca sem concha e 352 preditos *clusters* na biblioteca com concha.

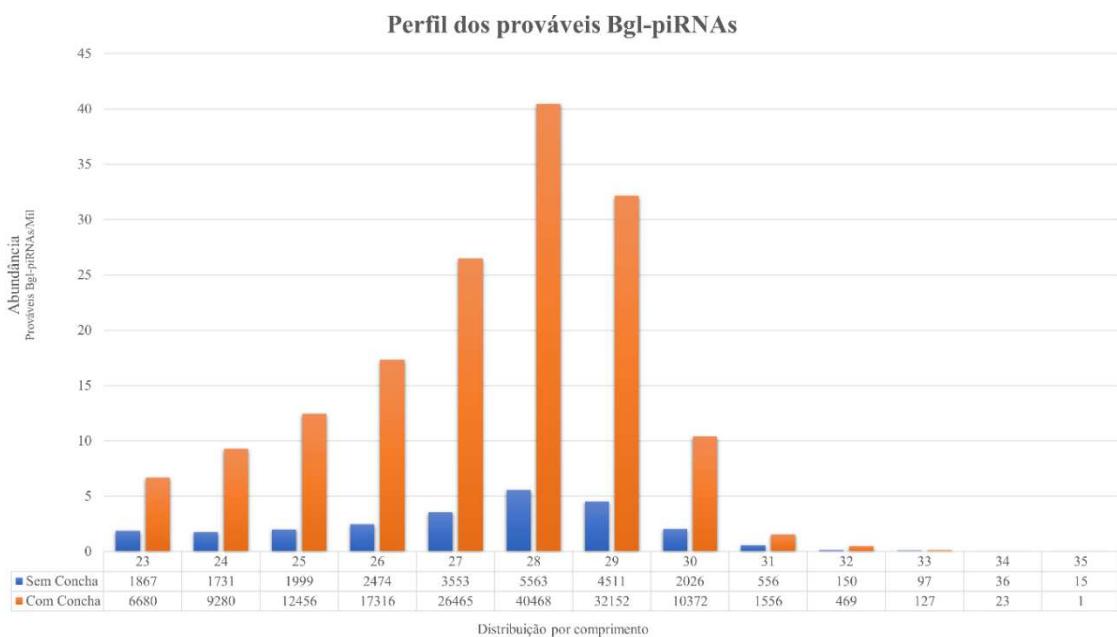
Figura 16



**Distribuição das *reads* de prováveis Bgl-piRNAs por comprimento em cada biblioteca.** As *reads* filtradas na faixa de 23 a 35 nucleotídeos de comprimento mostram uma grande distribuição na faixa de 27 a 30 nucleotídeos de comprimento.

O número de prováveis Bgl-piRNAs encontrado foi muito diferente entre as bibliotecas. Na amostra sem concha foram preditos 49155 prováveis Bgl-piRNAs, já na amostra com concha 314729 prováveis Bgl-piRNAs foram preditos. O perfil dos prováveis Bgl-piRNAs apresentou um perfil esperado, com uma significativa diversidade de sequências na faixa de 27 a 29 nucleotídeos (Figura 17).

Figura 17

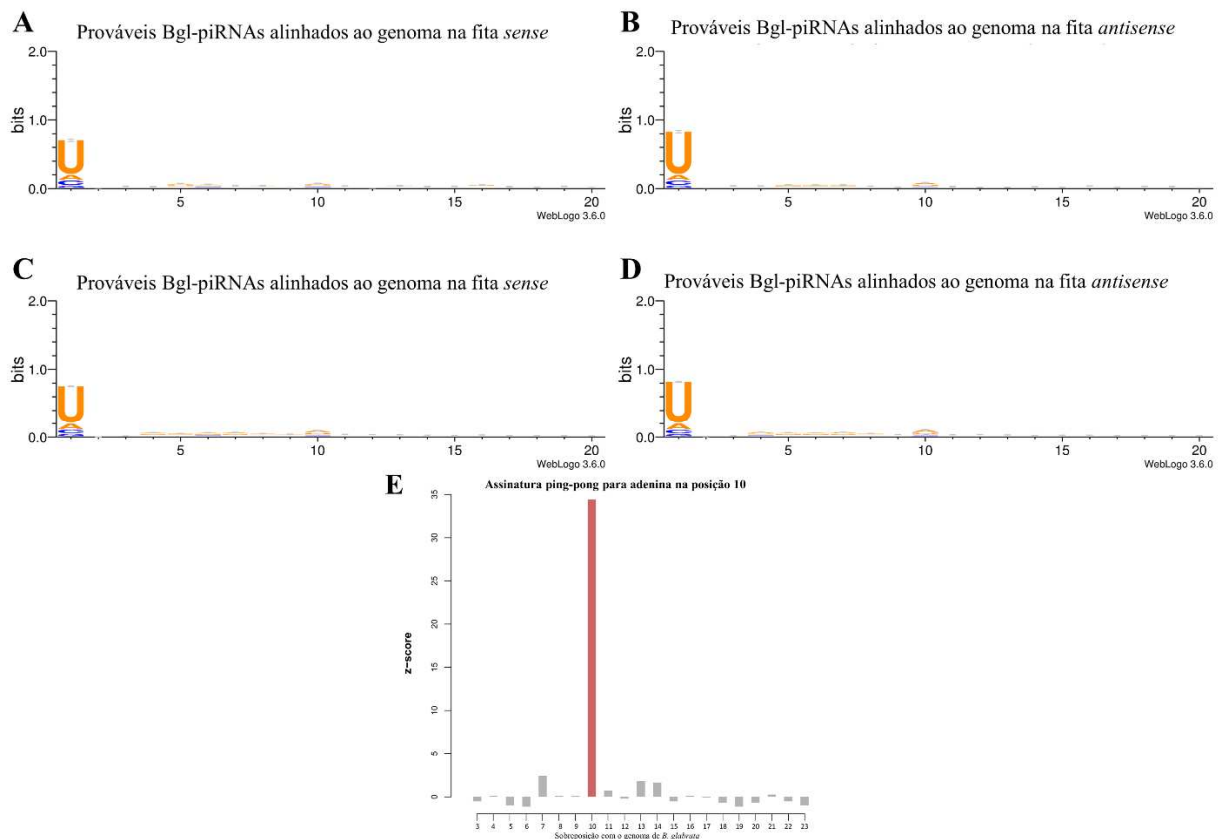


**Perfil dos prováveis Bgl-piRNAs.** Distribuição das sequências de prováveis Bgl-piRNAs por tamanho, demonstrando uma grande diversidade de piRNAs na biblioteca de moluscos com concha em relação à biblioteca de moluscos sem concha.



Os Bgl-piRNAs preditos mostraram uma distribuição esperada de nucleotídeos em suas sequências. Tanto os preditos Bgl-piRNAs das fitas direta e reversa, em ambas bibliotecas, apresentaram uma assinatura de uracila na primeira base, demonstrando um perfil conservado da via clássica de piRNAs (Figura 18), compatível com o encontrado em outros organismos (Zhang *et al.*, 2015; Urbarova *et al.*, 2018). Para avaliar a existência do ciclo ping-pong na síntese de piRNAs em *B. glabrata* foi utilizado o *software* PingPongPro. A sobreposição dos prováveis Bgl-piRNAs com o genoma revelou resultados muito interessantes e que confirmam essa via de síntese de piRNAs em *B. glabrata*. Para ambas amostras, com e sem concha, foi obtida um alto *score* para adenina na décima posição (Figura 18 E), o que reflete uma assinatura ping-pong.

**Figura 18**



**Assinatura de piRNAs nos prováveis Bgl-piRNAs.** As sequências logo foram geradas utilizando as prováveis sequências Bgl-piRNAs trimadas de 1 a 20 nucleotídeos. **A:** Sequência logo da fita *sense* da biblioteca sem concha com destaque para uracila na posição 1. **B:** Sequência logo da fita *antisense* da biblioteca sem concha com destaque para uracila na posição 1. **C:** Sequência logo da fita *sense* da biblioteca com concha com destaque para uracila na posição 1. **D:** Sequência logo da fita *antisense* da biblioteca com concha com destaque para uracila na posição 1. **E:** Significativa assinatura do ciclo ping-pong, evidenciada por uma sobreposição dos Bgl-piRNAs no genoma de *B. glabrata*, com elevado *score* para adenina na posição 10.

A suscetibilidade de *B. glabrata* a *S. mansoni* tem sido estudada por diferentes grupos na tentativa de elucidar os mecanismos genéticos ou fisiológicos que interferem na suscetibilidade, mas nenhum estudo direcionou seus esforços para entender o papel dos pequenos RNAs nessa relação. Nosso grupo vem estudando essa questão e mostrou que a via de pequenos RNAs está presente em *B. glabrata* e interfere diretamente no desenvolvimento do molusco, além de apresentar um perfil de expressão significativamente diferenciado ao longo dos principais momentos da infecção por *S. mansoni* (Queiroz *et al.*, 2017).

Avaliando dados do transcrito de *B. glabrata*, disponíveis com a publicação dos dados do genoma referência (Adema *et al.*, 2017), foi possível avaliar o perfil de expressão dos principais genes da via de pequenos RNAs em doze diferentes tecidos do molusco (Figura 3). Os resultados obtidos demonstraram que os genes para proteínas Ago-like, como Bgl-Argonauta (Bgl-Ago2) e Bgl-Piwi apresentam um perfil diferencialmente expressos em todos os órgãos avaliados. Esse resultado deixa claro que esses genes são importantes no desenvolvimento do molusco e provavelmente estão superexpressos por estarem atuando na biogênese dos Bgl-miRNAs e Bgl-piRNAs. Isso fica ainda mais evidente quando observamos a superexpressão de Bgl-Tudor, uma proteína acessória tanto à via de miRNAs quanto de piRNAs (Liu *et al.*, 2010; Thivierge *et al.*, 2012), em todos os órgãos avaliados.

Bgl-Tudor e Bgl-Piwi estão marcadamente superexpressos em todos os tecidos, mas apresentam uma superexpressão ainda mais pronunciada na glândula de albúmen e no manto, respectivamente. A glândula de albúmen, juntamente com o ovoteste, são fundamentais no processo de reprodução do molusco (Paraense e Deslandes, 1955; Scott, 1957; Silva-Neto *et al.*, 2014). Como Tudor e Piwi são dois dos principais atores no processo de biogênese de piRNAs e esses são reconhecidos por atuarem primariamente em células germinativas (Ozata *et al.*, 2018), é natural relacionar a superexpressão desses genes a uma provável síntese de piRNAs nesses órgãos. Nesta mesma lógica se destaca o gene Bgl-Vasa, que permanece com expressão discreta em praticamente todos os órgãos, mas destacadamente mais expresso no ovoteste. Como Vasa tem importância no processo de biogênese dos pequenos RNAs (Xiol *et al.*, 2014; Nishida *et al.*, 2015; Ozata *et al.*, 2018), pode-se inferir a possibilidade desses genes estarem ativos no processamento de piRNAs em *B. glabrata*. A superexpressão de Bgl-Piwi no manto é outra constatação clara da provável participação da via de piRNAs em *B. glabrata*, pois o manto é um tecido muito ativo com uma elevada taxa de multiplicação

celular, já mostrado na literatura como processo fortemente regulado por piRNAs (Paraense e Deslandes, 1955; Ozata *et al.*, 2018).

Ainda em relação a Bgl-Tudor e Bgl-Piwi, nota-se uma divergência de expressão em praticamente todos os órgãos, exceto estômago e cavidade bucal. Essa divergência é pouco perceptível, mas traz um ponto interessante. Sempre que um dos genes está mais expresso, o outro diminui um pouco seu perfil de expressão. Talvez essa seja uma estratégia de regulação da via de processamento dos piRNAs em *B. glabrata*, que esteja relacionada com a necessidade dessas moléculas nos diferentes órgãos do molusco, corroborando nossos dados de que a via de piRNAs está ativa e participa de maneira determinante no desenvolvimento do molusco (Queiroz *et al.*, 2017).

Através da tecnologia de sequenciamento de nova geração foi possível sequenciar os pequenos RNAs de *B. glabrata* e mostrar que os principais grupos de pequenos RNAs participam da biologia do molusco. Este estudo abre caminho para esclarecer o papel dos pequenos RNAs no ciclo de vida do molusco e sua relação com o parasito *S. mansoni*. Neste estudo foram processadas amostras de moluscos com e sem concha. Moluscos sem concha perdem praticamente toda a hemolinfa durante o processo de remoção da concha. Por outro lado, amostras de moluscos com concha são completos e não perdem praticamente nenhuma molécula biológica durante seu processamento. Isso permitiu que, além do repertório de pequenos RNAs, também identificássemos o papel da hemolinfa na diversidade natural desses pequenos RNAs em *B. glabrata*. Estudos anteriores mostraram a importância da hemolinfa para caramujos combaterem infecções (Bayne *et al.*, 1980a; b; Granath e Yoshino, 1984; Van Der Knaap e Loker, 1990; Coelho e Bezerra, 2006; Pereira *et al.*, 2008), confirmando a importância de moléculas circulantes para o molusco.

As amostras sequenciadas mostraram um elevado padrão de qualidade e abundância. Quando filtradas para a faixa de 15 a 35 nucleotídeos, onde se encontram os principais pequenos RNAs não codificantes de proteínas, ambas bibliotecas apresentaram um perfil muito similar em todas as sequências. Foi possível observar uma consistente distribuição de *reads* nas faixas de 21 a 24 e 27 a 30 nucleotídeos, compatível com o esperado para miRNAs e piRNAs respectivamente. Na comparação das sequências preditas como miRNAs, piRNAs, tRNAs, rRNAs, entre outros pequenos RNAs, os resultados revelaram uma abundância considerável de sequências relacionadas a miRNAs. O mesmo foi observado para piRNAs, contudo, com diversidade maior de sequências caracterizadas como prováveis piRNAs e menor número total por sequência quando comparado com miRNAs e fragmentos de tRNA.

Esses resultados são mais expressivos para Bgl-piRNAs individuais, que mostraram uma grande diversidade de sequências na amostra com concha, comparado àquelas sem concha. Este resultado sugere que a hemolinfa de *B. glabrata* possui muitos pequenos RNAs diferentes, incluindo piRNAs. De fato, pequenos RNAs circulantes, especialmente piRNAs são componentes do sangue que vem sendo relacionados a desordens fisiológicas e, portanto, possíveis marcadores moleculares (Dhahbi, 2014; Vychytilova-Faltejskova *et al.*, 2018).

Esses resultados chamaram a atenção por sugerir um grande repertório de pequenos RNAs em *B. glabrata*. Utilizando sequências de miRNAs maduros e precursores preditas no genoma de *B. glabrata* (Adema *et al.*, 2017) para analisar os dados do sequenciamento de pequenos RNAs, nosso grupo foi capaz de identificar 94 miRNAs maduros relacionados a 71 precursores (Tabela 4). Vários Bgl-miRNAs maduros identificados neste estudo foram considerados conservados nos clados animais disponíveis no miRBase e se destacaram pela abundância nas amostras sequenciadas, como bgl-bantam, bgl-mir-let-7, bgl-mir-100, bgl-mir-184, bgl-mir-71, bgl-mir-1984, bgl-mir-1, bgl-mir-315, bgl-mir-375, bgl-mir-750, bgl-mir-8 e bgl-mir-92.

Alguns desses miRNAs atraem a atenção devido a abundância de *reads*, como bgl-mir-100 com mais de 4 milhões de *reads* na amostra sem concha e bgl-mir-1 com mais de 2 milhões de *reads* em ambas amostras. O miR-100 é muito interessante por estar relacionado à regulação do crescimento celular, incluindo a regulação do câncer (Luan *et al.*, 2015), bem como participando no balanceamento do sistema imunológico (Negi *et al.*, 2015). A grande abundância de miR-100 é ainda mais significativa porque este miRNA participa na regulação do metabolismo e da longevidade em *D. melanogaster* (Gendron e Pletcher, 2017). Talvez essa seja a razão para tamanha expressão desse miRNA, porque em *B. glabrata* miR-100 está predito como regulador de alvos como a ubiquitina E3 ligase, vários alvos relacionados ao metabolismo de lipídios e açúcar, proteína de membrana e muitos alvos ainda não caracterizados (Anexo II).

Além disso, bgl-mir-1 parece estar relacionado à regulação do crescimento celular, atuando como um poderoso supressor tumoral (Liu *et al.*, 2017; Wang *et al.*, 2017) e regulando o desenvolvimento cardíaco em mamíferos (Heidersbach *et al.*, 2013). Pode ainda afetar o desenvolvimento de células musculares e interferir na ubiquitina E3 ligase (Kwon *et al.*, 2005; Zhu *et al.*, 2017). A predição de alvos em *B. glabrata* mostrou que bgl-mir-1 também regula proteínas ubiquitina, além de vários alvos relacionados a organização muscular, como a actina e fibrilina, corroborando com o encontrado na literatura. Além disso,

uma parte significativa dos alvos em *B. glabrata* foram preditos como relacionados a resposta ao estresse, o que pode estar relacionado ao fato desse molusco estar constantemente parasitado por inúmeros microrganismos.

Os demais miRNAs identificados não apresentaram tamanha abundância, mas destacam-se pela importância reconhecida em outros organismos, como o bantam. Bantam está relacionado ao controle do crescimento das células cerebrais e regulação de *feedback* e homeostase (Li e Padgett, 2012; Lam *et al.*, 2014; Wu *et al.*, 2017). É possível que bgl-bantam atue no desenvolvimento de células neuronais, principalmente no gânglio do tentáculo, uma região de intenso contato com o ambiente e que possui neuropilos olfativos (Chase e Tolloczko, 1993). Em *B. glabrata*, o bgl-bantam apresentou grande diferença entre amostras sequenciadas; com 113854 seqüências maduras na amostra sem concha e apenas 1307 na amostra com concha. A predição de alvos para bgl-bantam mostrou que em *B. glabrata* este miRNA também tem o papel de regular as células neuronais por reconhecidas proteínas associadas a sinapses (Anexo II). É possível ainda que bgl-bantam atue no metabolismo do molusco reconhecendo alvos para oxirredução e na regulação de proteínas, como o complexo proteico da ubiquitina.

O bgl-mir-71 apresentou 10395 *reads* na amostra sem concha e 337118 *reads* na amostra com concha, sugerindo que bgl-mir-71 é mais abundante na hemolinfa e provavelmente está envolvido na regulação de processos biológicos. Nossos resultados não nos permitiram determinar o papel de bgl-mir-71, mas, estudos anteriores em *C. elegans* sugeriram que miR-71 está envolvido no processo de longevidade, regulando funções no sistema nervoso, principalmente em animais mais velhos (De Lencastre *et al.*, 2010; Boulias e Horvitz, 2012). Em *Marsupenaeus japonicus*, um crustáceo, miR-71 foi relacionado com a ativação da apoptose, com a baixa regulação na fagocitose e no sistema pró-fenol oxidase, indicando seu envolvimento no sistema imune inato dos invertebrados (Yang *et al.*, 2012). Em *B. glabrata* bgl-mir-71 apresentou na predição de alvos, intensa regulação de fatores do metabolismo como as enzimas succinil-CoA e N-sulfoglucosamina. Além destes, parece regular alvos de resposta ao estresse, como uma proteína de estresse universal YxiE-like (Anexo II).

Bgl-mir-184 tem sido ligado a vários diferentes mecanismos em vertebrados e invertebrados. Contudo, em *M. japonicus*, esse miRNA pode regular positivamente a fagocitose (Yang *et al.*, 2012), também identificado na predição de alvos nesse estudo. Além do mais, quando este crustáceo foi infectado com o vírus causador da síndrome da mancha

branca, miR-184 foi mais regulado quando comparado ao controle não infectado (Huang *et al.*, 2012), o que pode sugerir seu papel como importante na regulação do sistema imune. Este ponto é muito interessante porque bgl-mir-184 apresenta muitas sequências maduras, com mais de dois milhões de *reads* em ambas amostras, sugerindo sua importância para o molusco. Este resultado sugere que esse miRNA é importante para o molusco em todo o seu corpo e não apenas na circulação ou em sua massa tecidual, uma vez que está abundante nas duas amostras. Reforçando ainda mais esse argumento, miR-184 está envolvido na modulação do envelhecimento em *D. melanogaster* (Gendron e Pletcher, 2017). Isto se torna muito interessante pelo fato de bgl-mir-184 ter sido predito como regulador de várias enzimas metabólicas, como tais como aminoacilase-1A-like e o fator de ribosilação de ADP, além de ter sido relacionado ainda como regulador da apoptose e demais processos de proteólise (Anexo II).

Let-7 é considerado um potencial regulador do desenvolvimento de *C. elegans*, iniciando sua expressão no estágio larval e estendendo-se até a fase adulta (Reinhart *et al.*, 2000; Lim *et al.*, 2003). Em *Anopheles stephensi*, este miRNA foi diferencialmente expresso para machos e fêmeas, onde pupas fêmeas foram reguladas positivamente. Além disso, foi significativamente mais expresso em pupas que em larvas (Jain *et al.*, 2015). Em *D. melanogaster* let-7 está relacionado ao seu desenvolvimento, regulando o envelhecimento e o desenvolvimento de tecidos nervosos (Gendron e Pletcher, 2017). Pelo fato de let-7 ser um miRNA muito conservado, é possível que em *B. glabrata* ele desempenhe papel semelhante, o que pode o caracterizar como um interessante alvo para estudos envolvendo o desenvolvimento do molusco. As sequências maduras de bgl-let-7 apresentaram uma contagem extremamente diferente entre as amostras sequenciadas. Mais de dois milhões de *reads* foram observadas na amostra com concha e 156393 na amostra sem concha, mostrando um potencial sistêmico, uma vez que esta grande diferença está provavelmente relacionada à hemolinfa. Na predição de alvos, bgl-let-7 foi relacionada ao metabolismo de lipídios por regular enzimas como a diacilglicerol lipase. Foi relacionado ainda a processos de ubiquitinação por regular enzimas como a ubiquitina carboxil-terminal hidrolase (Anexo II). Nenhuma relação direta pode ser estabelecida entre os dados da literatura e nossos resultados de predição de alvos para bgl-let-7, como regulação do envelhecimento, por exemplo, mas a regulação de componentes da via de ubiquitina sugere que este miRNA pode contribuir na manutenção da integridade do corpo (Korovila *et al.*, 2017).

Neste contexto, nossos resultados mostraram que todos os Bgl-miRNAs identificados possuem mais de um alvo no genoma de *B. glabrata*. O potencial de atuação dos miRNAs é

muito interessante, mostrando-se de diferentes formas em plantas e animais, mas sempre com vários alvos (Brennecke *et al.*, 2005; Costa *et al.*, 2012). Ambos os *softwares* utilizados para predição de alvos mostraram diferentes possibilidades de atuação para os miRNAs de *B. glabrata*, mas apenas alvos preditos em ambos foram aceitos. Isto foi importante para diminuir a chance de ocorrência de falsos positivos. Vários processos biológicos foram preditos como regulados por Bgl-miRNAs, destacando-se reprodução, crescimento, processos imune, proliferação celular e processos metabólicos (Figura 7B). Esses resultados confirmaram o esperado de que os Bgl-miRNAs são muito importantes para o desenvolvimento do molusco e atuam regulando diretamente seus principais processos biológicos. Por terem mostrado atuação direta em processos imune, é esperado que os Bgl-miRNAs sejam importantes na regulação das defesas do organismo e podem provavelmente ter participação na relação *B. glabrata/S. mansoni*, mas esse ponto deve ser melhor investigado em outros estudos.

Após a identificação e caracterização dos Bgl-miRNAs, foram selecionados sete diferentes miRNAs marcadamente conservados para análise do seu perfil de expressão por RT-qPCR. Foi estudada a influência desses miRNAs em diferentes momentos de desenvolvimento de *B. glabrata*: 10 dias, que representa caramujos jovens e imaturos sexualmente; 20 dias, que representa a transição para a maturidade sexual, e 40 dias, que representa o estágio adulto, maduros sexualmente (Queiroz *et al.*, 2017). Esses três estágios foram comparados ao tempo de desova, que serviu como controle do estudo. A maturidade sexual de *B. glabrata* é pouco estudada na literatura e, quando explorada, a preferência é mensurar a dimensão da concha para identificar se o caramujo é adulto ou jovem (Pimentel, 1957). Neste estudo, optamos por utilizar uma abordagem mais precisa e coerente, razão pela qual usamos dias como um padrão de tempo para marcar períodos de maturidade sexual.

Dos miRNAs selecionados para esse estudo, bgl-mir8 está superexpresso aos 10 dias de desenvolvimento em relação aos demais tempos (Figura 15 A). Esse fato é de extrema importância, uma vez que, em *Drosophila*, mir-8 está relacionado com a sobrevivência celular e a organização epitelial por afetar inúmeros reguladores da actina (Bolin *et al.*, 2016), podendo ainda, interferir na homeostase deste organismo (Lee e Hyun, 2014). Esses resultados corroboram nossas análises de predição de alvos, que mostrou uma intensa regulação de processos biológicos relacionados ao metabolismo, resposta ao estresse e organização celular (Figura 8), regulando alvos como, deacetilase de arilacetamina, proteína universal do estresse do tipo YxiE e poliglutamilase de tubulina do tipo TTLL4, respectivamente (Anexo II). No período de 10 dias o molusco está em intenso crescimento e o

fato de bgl-mir-8 está diferencialmente expresso nesse período, sugere que tal relação pode também ocorrer em *B. glabrata*. É interessante ainda observar que, mir-92 também apresenta um perfil significativamente superexpresso aos 10 dias e fortemente sub-expresso aos 20 dias (Figura 15 B). Como mir-92 está relacionado ao controle de processos inflamatórios em *Crassostrea gigas*, outro molusco, por regular a expressão de TNF (Fator de Necrose Tumoral) (Chen *et al.*, 2016), é possível que essa variação em *B. glabrata* também esteja relacionada ao controle inflamatório, uma vez que esse molusco é naturalmente parasitado por inúmeros patógenos. A predição de alvos mostrou que bgl-mir-92 atua regulando a resposta ao estresse e processos inflamatórios, como receptores tirosina kinase de leucócitos (Anexo II), corroborando o fato que este miRNA é importante para processos imunológicos (Figura 9). Contudo, é importante salientar o fato desse período contemplar intensa proliferação celular, momento já reconhecido na literatura como regulado pela atuação de mir-92 em outros organismos (Manni *et al.*, 2009; Nilsson *et al.*, 2012).

O mir-184 está relacionado com a regulação do crescimento, proliferação e apoptose de células epiteliais (Bi *et al.*, 2016; Mansuri *et al.*, 2016), além de apresentar papel destacado como supressor tumoral (Zhuang *et al.*, 2016; Liang *et al.*, 2017). Os alvos preditos para bgl-mir-184 corroboram a literatura e mostram-se envolvidos na regulação do crescimento, proliferação e apoptose (Figura 10). Um dos exemplos é o gene BGLB018794, que não foi completamente caracterizado, mas é parte de um complexo de resistência a *S. mansoni* (Tennesen *et al.*, 2015), tornando-o ainda mais interessante. Em *B. glabrata* mir-184 mostrou-se diferencialmente expresso em todos os momentos avaliados, destacando-se pela acentuada sub-expressão no tempo de 20 dias (Figura 15 C). Provavelmente as funções regulatórias exercidas por mir-184 em outros organismos também atuam de maneira decisiva durante o desenvolvimento de *B. glabrata*. Isso reforça a ideia de que os miRNAs regulam a expressão gênica nesse molusco de maneira significativa.

Contrário ao observado nos demais miRNAs desse estudo, bgl-mir-315, bgl-mir-375 e bgl-mir-750 apresentam um perfil superexpresso durante todo o tempo de desenvolvimento de *B. glabrata* (Figura 15 D, E e F). Esse perfil sugere que em *B. glabrata* esses miRNAs desempenham um papel significativo em seu desenvolvimento, contudo, é impossível, apenas com esses dados, estabelecer a relação e real influência destes na biologia do molusco. Mas a predição de alvos sugere uma importante regulação dos processos de crescimento celular, por mostrar uma regulação de alvos como bcl-2 e caspase (Anexo II). Bgl-mir-315 e bgl-mir-375 têm sido relacionados à regulação de processos de crescimento e diferenciação celular em outros organismos (Silver *et al.*, 2007; Zhang *et al.*, 2017). Já mir-750 parece desempenhar



juntamente com mir-315, papel importante na regulação do sistema inato de defesa, como demonstrado em estudo recente com camarões (Kaewkascholkul *et al.*, 2016). A predição de alvos para bgl-mir-750 sugere um papel similar em *B. glabrata*, estabelecendo-o como um provável regulador do desempenho de piRNAs no caramujo, por ter os genes Piwi e Tudor como alvos (Anexo II).

Quanto a mir-1984 (Figura 15 G), foi observado um perfil de intensa expressão aos 10 dias, significativamente maior que os demais momentos avaliados, esse período é marcado por intenso crescimento do caramujo. Os resultados da predição de alvos mostraram uma regulação de genes relacionados a atividade de microtubos e vários processos metabólicos ligados à resposta imune (Figura 14). Assim como mir-8, mir-1984 foi intimamente relacionado com a regulação da resposta imune em *C. gigas* (Zhou *et al.*, 2014), sugerindo que mir-1984 desempenha papel relevante na biologia de *B. glabrata*, principalmente porque se trata de um miRNA exclusivo de moluscos. Provavelmente, ensaios de expressão envolvendo moluscos desafiados possam fornecer maiores informações acerca do papel desse miRNA na biologia do molusco.

Assim, nossos resultados confirmam a presença de miRNAs em *B. glabrata* e mostra sua atuação na biologia do molusco. Mostramos ainda a importância da via de pequenos RNAs para o molusco (Queiroz *et al.*, 2017), e no presente estudo mostramos a atuação dos Bgl-miRNAs e suas possíveis vias de regulação. Esses resultados abrem a possibilidade para que novos estudos sejam direcionados à identificação de alvos de Bgl-miRNAs importantes na suscetibilidade/resistência a *S. mansoni*.

Foi possível ainda nesse estudo, identificar um grande repertório de Bgl-piRNAs com uma intensa diversidade de moléculas de piRNAs. O papel dos piRNAs é fortemente ligado ao silenciamento de transposons e regulação epigenética (Brennecke *et al.*, 2005; Brennecke *et al.*, 2007; Brennecke *et al.*, 2008), incluindo moluscos (Jehn *et al.*, 2018), mas recentemente, o controle da estabilidade de mRNA também foi relacionado como uma função de piRNAs (Peng e Lin, 2013). Nossos dados mostram que os prováveis Bgl-piRNAs identificados são fortemente enriquecidos em uracila na primeira posição da porção 5' (1 U) e uma maior probabilidade de apresentar uma adenina na décima posição (10 A). Foi identificado ainda que a maioria das *reads* de sentido direto e inverso de Bgl-piRNAs apresentam uma sobreposição perfeita nos dez primeiros nucleotídeos do pareamento com o genoma de *B. glabrata*. Juntamente com a assinatura 10 A, esta é uma clara assinatura do

ciclo ping-pong (Brennecke *et al.*, 2005; Brennecke *et al.*, 2007; Brennecke *et al.*, 2008) e mostra uma participação importante dessa via na biogênese dos Bgl-piRNAs.

Nossos dados mostram uma elevada diversidade dos prováveis Bgl-piRNAs na amostra com concha, demonstrando que a presença da hemolinfa na amostra sequenciada foi determinante para o enriquecimento do repertório de piRNAs. Isto é mais relevante ainda porque a quantidade de *reads* gerada foi maior na amostra sem concha, mostrando que mesmo sem uma grande profundidade do sequenciamento, a maior diversidade de sequências na hemolinfa é clara. Este resultado sugere a atuação sistêmica dos Bgl-piRNAs no molusco. Outros estudos já mostraram a disponibilidade de piRNAs na circulação e a possibilidade de utilização desse potencial como marcadores para o diagnóstico de diversos distúrbios (El-Mogy *et al.*, 2018; Vychytilova-Faltejskova *et al.*, 2018). O grande repertório de Bgl-piRNAs circulantes está provavelmente envolvido na biologia do caramujo e pode estar relacionado com mecanismos inatos de controle de infecções, corroborando com estudos prévios que mostraram a importância da hemolinfa na defesa do organismo (Bayne *et al.*, 1980a; Granath e Yoshino, 1984).

## CONCLUSÃO

Este estudo mostrou que *B. glabrata* possui as vias de processamento de miRNAs e piRNAs em seu genoma e que elas estão ativas no molusco, gerando sequências que parecem estar diretamente relacionadas com a regulação de inúmeras vias biológicas. Foi possível comprovar que essas vias estão diferencialmente expressas em momentos distintos do desenvolvimento do molusco, bem como, quando infectado por *S. mansoni*. Este estudo mostrou ainda, que *B. glabrata* apresenta um vasto repertório de miRNAs e piRNAs e provavelmente esses ncRNAs possuem papel decisivo no ciclo de vida do caramujo, além de alguns desses poderem estar envolvidos na regulação imune deste molusco. Usando ferramentas de bioinformática, nós fomos capazes de identificar e caracterizar os miRNAs e piRNAs de *B. glabrata* e mostramos que essas moléculas têm o mesmo perfil daquelas encontradas em outros organismos referência. Nossos resultados mostraram ainda, que *B. glabrata* possui um interessante e megadiverso repertório de ncRNAs circulantes, abrindo a possibilidade de estudar o papel desses pequenos RNAs na relação de suscetibilidade do molusco a *S. mansoni*. Outros estudos, já em desenvolvimento pelo nosso grupo, envolvendo técnicas de silenciamento poderão mostrar o papel funcional desses Bgl-ncRNAs nessa relação.

## PERSPECTIVAS

Os resultados mostrados nesse trabalho, e não contemplados no anexo I, foram submetidos ao periódico *Plos One* e estão sob revisão. Além disso, com alguns estudos já em andamento, envolvendo silenciamento gênico de alguns dos principais genes alvo, identificados nesse estudo, bem como de alguns miRNAs, espera-se determinar com maior precisão quais miRNAs estão envolvidos na relação *Biomphalaria/S. mansoni*.

ADEMA, C. M. et al. Whole genome analysis of a schistosomiasis-transmitting freshwater snail. **Nat Commun**, v. 8, p. 15451, May 16 2017. ISSN 2041-1723 (Electronic) 2041-1723 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28508897> >.

ADEMA, C. M. et al. A bacterial artificial chromosome library for *Biomphalaria glabrata*, intermediate snail host of *Schistosoma mansoni*. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 101 Suppl 1, p. 167-77, Sep 2006. ISSN 0074-0276 (Print) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17308766> >.

ARAVIN, A. et al. A novel class of small RNAs bind to MILI protein in mouse testes. **Nature**, v. 442, n. 7099, p. 203-7, Jul 13 2006. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16751777> >.

ARAVIN, A. A. et al. Double-stranded RNA-mediated silencing of genomic tandem repeats and transposable elements in the *D. melanogaster* germline. **Curr Biol**, v. 11, n. 13, p. 1017-27, Jul 10 2001. ISSN 0960-9822 (Print) 0960-9822 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11470406> >.

ARAVIN, A. A. et al. A piRNA pathway primed by individual transposons is linked to de novo DNA methylation in mice. **Mol Cell**, v. 31, n. 6, p. 785-99, Sep 26 2008. ISSN 1097-4164 (Electronic) 1097-2765 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18922463> >.

BARBOSA, F. S.; BARRETO, A. C. Differences in susceptibility of Brazilian strains of *Australorbis glabratus* to *Schistosoma mansoni*. **Exp Parasitol**, v. 9, p. 137-40, Apr 1960. ISSN 0014-4894 (Print) 0014-4894 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/13855537> >.

BARRACCO, M. A.; STEIL, A. A.; GARGIONI, R. Morphological characterization of the hemocytes of the pulmonate snail *Biomphalaria tenagophila*. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 88, n. 1, p. 73-83, Jan-Mar 1993. ISSN 0074-0276 (Print) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/8246758> >.

BAYNE, C. J. Successful parasitism of vector snail *Biomphalaria glabrata* by the human blood fluke (trematode) *Schistosoma mansoni*: a 2009 assessment. **Mol Biochem Parasitol**, v. 165, n. 1, p. 8-18, May 2009. ISSN 0166-6851 (Print) 0166-6851 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19393158> >.

BAYNE, C. J.; BUCKLEY, P. M.; DEWAN, P. C. Macrophagelike hemocytes of resistant *Biomphalaria glabrata* are cytotoxic for sporocysts of *Schistosoma mansoni* in vitro. **J Parasitol**, v. 66, n. 3, p. 413-9, Jun 1980a. ISSN 0022-3395 (Print) 0022-3395 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7391885> >.

\_\_\_\_\_. *Schistosoma mansoni*: cytotoxicity of hemocytes from susceptible snail hosts for sporocysts in plasma from resistant *Biomphalaria glabrata*. **Exp Parasitol**, v. 50, n. 3, p. 409-16, Dec 1980b. ISSN 0014-4894 (Print) 0014-4894 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7428914> >.

BAYNE, C. J.; LOKER, E. S.; YUI, M. A. Interactions between the plasma proteins of *Biomphalaria glabrata* (Gastropoda) and the sporocyst tegument of *Schistosoma mansoni* (Trematoda). **Parasitology**, v. 92 ( Pt 3), p. 653-64, Jun 1986. ISSN 0031-1820 (Print) 0031-1820 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/2426650> >.

BEREZIKOV, E. et al. Phylogenetic shadowing and computational identification of human microRNA genes. **Cell**, v. 120, n. 1, p. 21-4, Jan 14 2005. ISSN 0092-8674 (Print) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15652478> >.

BERNSTEIN, E. et al. Role for a bidentate ribonuclease in the initiation step of RNA interference. **Nature**, v. 409, n. 6818, p. 363-6, Jan 18 2001. ISSN 0028-0836 (Print) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11201747> >.

BEZERRA, F. S. et al. Quantification of the population and phagocytary activity of hemocytes of resistant and susceptible strains of *Biomphalaria glabrata* and *Biomphalaria tenagophila* infected with *Schistosoma mansoni*. **Rev Inst Med Trop Sao Paulo**, v. 39, n. 4, p. 197-201, Jul-Aug 1997. ISSN 0036-4665 (Print) 0036-4665 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/9640781> >.

BI, X. et al. MicroRNA-184 Promotes Proliferation and Inhibits Apoptosis in HaCaT Cells: An In Vitro Study. **Med Sci Monit**, v. 22, p. 3056-61, Aug 29 2016. ISSN 1643-3750 (Electronic) 1234-1010 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27571235> >.

BOEHMLER, A. M.; FRYER, S. E.; BAYNE, C. J. Killing of *Schistosoma mansoni* sporocysts by *Biomphalaria glabrata* hemolymph in vitro: alteration of hemocyte behavior after poly-L-lysine treatment of plastic, and the kinetics of killing by different host strains. **J Parasitol**, v. 82, n. 2, p. 332-5, Apr 1996. ISSN 0022-3395 (Print) 0022-3395 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/8604109> >.

BOLIN, K. et al. miR-8 modulates cytoskeletal regulators to influence cell survival and epithelial organization in *Drosophila* wings. **Dev Biol**, v. 412, n. 1, p. 83-98, Apr 01 2016. ISSN 1095-564X (Electronic) 0012-1606 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26902111> >.

BOULIAS, K.; HORVITZ, H. R. The *C. elegans* microRNA mir-71 acts in neurons to promote germline-mediated longevity through regulation of DAF-16/FOXO. **Cell Metab**, v. 15, n. 4, p. 439-50, Apr 4 2012. ISSN 1932-7420 (Electronic) 1550-4131 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22482727> >.

BRASIL. Vigilância e controle de moluscos de importância epidemiológica: diretrizes técnicas: Programa de Vigilância e Controle da Esquistossomose (PCE). **Editora do Ministério da Saúde**, n. 2ª edição, p. 177, 2008.

BRENNECKE, J. et al. Discrete small RNA-generating loci as master regulators of transposon activity in *Drosophila*. **Cell**, v. 128, n. 6, p. 1089-103, Mar 23 2007. ISSN 0092-8674 (Print) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17346786> >.

BRENNECKE, J. et al. An epigenetic role for maternally inherited piRNAs in transposon silencing. **Science**, v. 322, n. 5906, p. 1387-92, Nov 28 2008. ISSN 1095-9203 (Electronic) 0036-8075 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19039138> >.

BRENNECKE, J. et al. Principles of microRNA-target recognition. **PLoS Biol**, v. 3, n. 3, p. e85, Mar 2005. ISSN 1545-7885 (Electronic) 1544-9173 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15723116> >.

BRODERSEN, P.; VOINNET, O. Revisiting the principles of microRNA target recognition and mode of action. **Nat Rev Mol Cell Biol**, v. 10, n. 2, p. 141-8, Feb 2009. ISSN 1471-0080

(Electronic) 1471-0072 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19145236> >.

CALDEIRA, R. L.; JANNOTTI-PASSOS, L. K.; CARVALHO, O. S. Molecular epidemiology of Brazilian Biomphalaria: a review of the identification of species and the detection of infected snails. **Acta Trop**, v. 111, n. 1, p. 1-6, Jul 2009. ISSN 1873-6254 (Electronic) 0001-706X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19426656> >.

CARTHEW, R. W.; SONTHEIMER, E. J. Origins and Mechanisms of miRNAs and siRNAs. **Cell**, v. 136, n. 4, p. 642-55, Feb 20 2009. ISSN 1097-4172 (Electronic) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19239886> >.

CARVALHO, O. D. S. et al. **Moluscos brasileiros de importância médica**. Belo Horizonte: FIOCRUZ/Centro de Pesquisas René Rachou, 2008. 96 ISBN 978-85-99016-05-3.

CHASE, R.; TOLLOCZKO, B. Tracing neural pathways in snail olfaction: from the tip of the tentacles to the brain and beyond. **Microsc Res Tech**, v. 24, n. 3, p. 214-30, Feb 15 1993. ISSN 1059-910X (Print) 1059-910X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/8431604> >.

CHEN, H. et al. Cgi-miR-92d indirectly regulates TNF expression by targeting CDS region of lipopolysaccharide-induced TNF-alpha factor 3 (CgLITAF3) in oyster *Crassostrea gigas*. **Fish Shellfish Immunol**, v. 55, p. 577-84, Aug 2016. ISSN 1095-9947 (Electronic) 1050-4648 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27346152> >.

COELHO, J. R.; BEZERRA, F. S. Compatibility of *Biomphalaria tenagophila* with *Schistosoma mansoni*: a study of homologous plasma transference. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 101, n. 1, p. 111-2, Feb 2006. ISSN 0074-0276 (Print) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16699720> >.

COELHO, P.; CALDEIRA, R. L. Critical analysis of molluscicide application in schistosomiasis control programs in Brazil. **Infect Dis Poverty**, v. 5, n. 1, p. 57, Jul 04 2016. ISSN 2049-9957 (Electronic) 2049-9957 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27374126> >.

COELHO, P. M. et al. Use of a saline gradient for the diagnosis of schistosomiasis. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 104, n. 5, p. 720-3, Aug 2009. ISSN 1678-8060 (Electronic) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19820832> >.

COELHO, P. M. et al. Transmission control of schistosomiasis mansoni by introduction of a resistant strain of *Biomphalaria tenagophila* in areas where transmission is maintained by this species. **Acta Trop**, v. 108, n. 2-3, p. 245-8, Nov-Dec 2008. ISSN 1873-6254 (Electronic) 0001-706X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18598664> >.

COELI, R. et al. Praziquantel treatment decreases *Schistosoma mansoni* genetic diversity in experimental infections. **PLoS Negl Trop Dis**, v. 7, n. 12, p. e2596, 2013. ISSN 1935-2735 (Electronic) 1935-2727 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24367712> >.

COSTA, M. C.; LEITAO, A. L.; ENGUITA, F. J. Biogenesis and Mechanism of Action of Small Non-Coding RNAs: Insights from the Point of View of Structural Biology. **Int J Mol Sci**, v. 13, n. 8, p. 10268-95, 2012. ISSN 1422-0067 (Electronic) 1422-0067 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22949860> >.

DAVIS-DUSENBERY, B. N.; HATA, A. Mechanisms of control of microRNA biogenesis. **J Biochem**, v. 148, n. 4, p. 381-92, Oct 2010. ISSN 1756-2651 (Electronic) 0021-924X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20833630> >.

DE LENCASTRE, A. et al. MicroRNAs both promote and antagonize longevity in *C. elegans*. **Curr Biol**, v. 20, n. 24, p. 2159-68, Dec 21 2010. ISSN 1879-0445 (Electronic) 0960-9822 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21129974> >.

DE SOUZA GOMES, M. et al. Genome-wide identification of novel microRNAs and their target genes in the human parasite *Schistosoma mansoni*. **Genomics**, v. 98, n. 2, p. 96-111, Aug 2011. ISSN 1089-8646 (Electronic) 0888-7543 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21640815> >.

DHAHBI, J. M. Circulating small noncoding RNAs as biomarkers of aging. **Ageing Res Rev**, v. 17, p. 86-98, Sep 2014. ISSN 1872-9649 (Electronic) 1568-1637 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24607831> >.

DIKKEBOOM, R. et al. The production of toxic oxygen metabolites by hemocytes of different snail species. **Dev Comp Immunol**, v. 12, n. 3, p. 509-20, Summer 1988. ISSN 0145-305X (Print) 0145-305X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/3169350> >.

DOS SANTOS, A. F. et al. The lethality of *Euphorbia conspicua* to adults of *Biomphalaria glabrata*, cercaria of *Schistosoma mansoni* and larvae of *Artemia salina*. **Bioresour Technol**, v. 98, n. 1, p. 135-9, Jan 2007. ISSN 0960-8524 (Print) 0960-8524 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16458000> >.

DURAND, P.; SIRE, C.; THERON, A. Isolation of microsatellite markers in the digenetic trematode *Schistosoma mansoni* from Guadeloupe island. **Mol Ecol**, v. 9, n. 7, p. 997-8, Jul 2000. ISSN 0962-1083 (Print) 0962-1083 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10886664> >.

EL-MOGY, M. et al. Diversity and signature of small RNA in different bodily fluids using next generation sequencing. **BMC Genomics**, v. 19, n. 1, p. 408, May 29 2018. ISSN 1471-2164 (Electronic) 1471-2164 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29843592> >.

ESAU, C. et al. MicroRNA-143 regulates adipocyte differentiation. **J Biol Chem**, v. 279, n. 50, p. 52361-5, Dec 10 2004. ISSN 0021-9258 (Print) 0021-9258 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15504739> >.

ESQUELA-KERSCHER, A.; SLACK, F. J. Oncomirs - microRNAs with a role in cancer. **Nat Rev Cancer**, v. 6, n. 4, p. 259-69, Apr 2006. ISSN 1474-175X (Print) 1474-175X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16557279> >.

EVAN SECOR, W. Water-based interventions for schistosomiasis control. **Pathog Glob Health**, v. 108, n. 5, p. 246-54, Jul 2014. ISSN 2047-7732 (Electronic) 2047-7724 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25175875> >.

FABRI, R. L. et al. Chromatographic fingerprint analysis and effects of the medicinal plant species *Mitracarpus frigidus* on adult *Schistosoma mansoni* worms. **Biomed Res Int**, v. 2014, p. 941318, 2014. ISSN 2314-6141 (Electronic). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24901000> >.



FAGUNDES TEIXEIRA, C. et al. Detection of *Schistosoma mansoni* Eggs in Feces through their Interaction with Paramagnetic Beads in a Magnetic Field. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, v. 1, n. 2, p. e73, 2007. Disponível em: < <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000073> >.

FONSECA, C. T. et al. *Schistosoma* tegument proteins in vaccine and diagnosis development: an update. **J Parasitol Res**, v. 2012, p. 541268, 2012. ISSN 2090-0031 (Electronic) 2090-0023 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23125917> >.

FRIEDLANDER, M. R. et al. miRDeep2 accurately identifies known and hundreds of novel microRNA genes in seven animal clades. **Nucleic Acids Res**, v. 40, n. 1, p. 37-52, Jan 2012. ISSN 1362-4962 (Electronic) 0305-1048 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21911355> >.

FU, Y. et al. The genome of the Hi5 germ cell line from *Trichoplusia ni*, an agricultural pest and novel model for small RNA biology. **Elife**, v. 7, Jan 29 2018. ISSN 2050-084X (Electronic) 2050-084X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29376823> >.

GENDRON, C. M.; PLETCHER, S. D. MicroRNAs mir-184 and let-7 alter *Drosophila* metabolism and longevity. **Aging Cell**, v. 16, n. 6, p. 1434-1438, Dec 2017. ISSN 1474-9726 (Electronic) 1474-9718 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28963741> >.

GIRARD, A. et al. A germline-specific class of small RNAs binds mammalian Piwi proteins. **Nature**, v. 442, n. 7099, p. 199-202, Jul 13 2006. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16751776> >.

GOMES, M. S. et al. Preliminary analysis of miRNA pathway in *Schistosoma mansoni*. **Parasitol Int**, v. 58, n. 1, p. 61-8, Mar 2009. ISSN 1383-5769 (Print) 1383-5769 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19007911> >.

GORIAUX, C. et al. Transcriptional properties and splicing of the flamenco piRNA cluster. **EMBO Rep**, v. 15, n. 4, p. 411-8, Apr 2014. ISSN 1469-3178 (Electronic) 1469-221X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24562610> >.

GRANATH, W. O., JR.; YOSHINO, T. P. *Schistosoma mansoni*: passive transfer of resistance by serum in the vector snail, *Biomphalaria glabrata*. **Exp Parasitol**, v. 58, n. 2, p. 188-93, Oct 1984. ISSN 0014-4894 (Print) 0014-4894 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/6479289> >.

HA, M.; KIM, V. N. Regulation of microRNA biogenesis. **Nat Rev Mol Cell Biol**, v. 15, n. 8, p. 509-24, Aug 2014. ISSN 1471-0080 (Electronic) 1471-0072 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25027649> >.

HAHN, U. K.; BENDER, R. C.; BAYNE, C. J. Production of reactive oxygen species by hemocytes of *Biomphalaria glabrata*: carbohydrate-specific stimulation. **Dev Comp Immunol**, v. 24, n. 6-7, p. 531-41, Sep-Oct 2000. ISSN 0145-305X (Print) 0145-305X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10831788> >.

\_\_\_\_\_. Involvement of nitric oxide in killing of *Schistosoma mansoni* sporocysts by hemocytes from resistant *Biomphalaria glabrata*. **J Parasitol**, v. 87, n. 4, p. 778-85, Aug 2001a. ISSN 0022-3395 (Print) 0022-3395 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11534641> >.

\_\_\_\_\_. Killing of *Schistosoma mansoni* sporocysts by hemocytes from resistant *Biomphalaria glabrata*: role of reactive oxygen species. **J Parasitol**, v. 87, n. 2, p. 292-9, Apr 2001b. ISSN 0022-3395 (Print) 0022-3395 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11318558> >.

HAN, J. et al. The Drosha-DGCR8 complex in primary microRNA processing. **Genes Dev**, v. 18, n. 24, p. 3016-27, Dec 15 2004. ISSN 0890-9369 (Print) 0890-9369 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15574589> >.

HARRIS, K. R. The fine structure of encapsulation in *Biomphalaria glabrata*. **Ann N Y Acad Sci**, v. 266, p. 446-64, 1975. ISSN 0077-8923 (Print) 0077-8923 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/1072605> >.

HE, L. et al. A microRNA component of the p53 tumour suppressor network. **Nature**, v. 447, n. 7148, p. 1130-4, Jun 28 2007. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17554337> >.

HEIDERSBACH, A. et al. microRNA-1 regulates sarcomere formation and suppresses smooth muscle gene expression in the mammalian heart. **Elife**, v. 2, p. e01323, Nov 19 2013. ISSN 2050-084X (Print) 2050-084X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24252873> >.

HERTEL, J. et al. The expansion of the metazoan microRNA repertoire. **BMC Genomics**, v. 7, p. 25, 2006. ISSN 1471-2164 (Electronic) 1471-2164 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16480513> >.

HUANG, T.; XU, D.; ZHANG, X. Characterization of host microRNAs that respond to DNA virus infection in a crustacean. **BMC Genomics**, v. 13, p. 159, Apr 30 2012. ISSN 1471-2164 (Electronic) 1471-2164 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22545795> >.

HUANG, X.; FEJES TOTH, K.; ARAVIN, A. A. piRNA Biogenesis in *Drosophila melanogaster*. **Trends Genet**, v. 33, n. 11, p. 882-894, Nov 2017. ISSN 0168-9525 (Print) 0168-9525 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28964526> >.

IPSARO, J. J. et al. The structural biochemistry of Zucchini implicates it as a nuclease in piRNA biogenesis. **Nature**, v. 491, n. 7423, p. 279-83, Nov 8 2012. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23064227> >.

ISMAIL, M. A. et al. Comparative Study on Immunoblot Versus Pcr in Diagnosis of Schistosomiasis Mansoni in Experimental Infected Mice. **J Egypt Soc Parasitol**, v. 46, n. 1, p. 101-8, Apr 2016. ISSN 1110-0583 (Print) 1110-0583 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27363045> >.

JAIN, S. et al. Dynamic expression of miRNAs across immature and adult stages of the malaria mosquito *Anopheles stephensi*. **Parasit Vectors**, v. 8, p. 179, Mar 25 2015. ISSN 1756-3305 (Electronic) 1756-3305 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25888742> >.

JEHN, J. et al. PIWI genes and piRNAs are ubiquitously expressed in mollusks and show patterns of lineage-specific adaptation. **Commun Biol**, v. 1, p. 137, 2018. ISSN 2399-3642 (Electronic) 2399-3642 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30272016> >.

JOHNSTON, L. A.; YOSHINO, T. P. Larval *Schistosoma mansoni* excretory-secretory glycoproteins (ESPs) bind to hemocytes of *Biomphalaria glabrata* (Gastropoda) via surface carbohydrate binding receptors. **J Parasitol**, v. 87, n. 4, p. 786-93, Aug 2001. ISSN 0022-3395 (Print) 0022-3395 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11534642> >.

JULIANO, C. E. et al. PIWI proteins and PIWI-interacting RNAs function in Hydra somatic stem cells. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 111, n. 1, p. 337-42, Jan 7 2014. ISSN 1091-6490 (Electronic) 0027-8424 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24367095> >.

KAEWKASCHOLKUL, N. et al. Shrimp miRNAs regulate innate immune response against white spot syndrome virus infection. **Dev Comp Immunol**, v. 60, p. 191-201, Jul 2016. ISSN 1879-0089 (Electronic) 0145-305X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26945623> >.

KATZ, N.; CHAVES, A.; PELLEGRINO, J. A simple device for quantitative stool thick-smear technique in Schistosomiasis mansoni. **Rev Inst Med Trop Sao Paulo**, v. 14, n. 6, p. 397-400, Nov-Dec 1972. ISSN 0036-4665 (Print) 0036-4665 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/4675644> >.

KIM, V. N. Small RNAs: classification, biogenesis, and function. **Mol Cells**, v. 19, n. 1, p. 1-15, Feb 28 2005. ISSN 1016-8478 (Print) 1016-8478 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15750334> >.

KIM, V. N.; HAN, J.; SIOMI, M. C. Biogenesis of small RNAs in animals. **Nat Rev Mol Cell Biol**, v. 10, n. 2, p. 126-39, Feb 2009. ISSN 1471-0080 (Electronic) 1471-0072 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19165215> >.

KLATTENHOFF, C. et al. The *Drosophila* HP1 homolog Rhino is required for transposon silencing and piRNA production by dual-strand *clusters*. **Cell**, v. 138, n. 6, p. 1137-49, Sep 18 2009. ISSN 1097-4172 (Electronic) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19732946> >.

KOLENDA, T. et al. The mystery of let-7d - a small RNA with great power. **Contemp Oncol (Pozn)**, v. 18, n. 5, p. 293-301, 2014. ISSN 1428-2526 (Print) 1428-2526 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25477749> >.

KOROVILA, I. et al. Proteostasis, oxidative stress and aging. **Redox Biol**, v. 13, p. 550-567, Oct 2017. ISSN 2213-2317 (Electronic) 2213-2317 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28763764> >.

KWON, C. et al. MicroRNA1 influences cardiac differentiation in *Drosophila* and regulates Notch signaling. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 102, n. 52, p. 18986-91, Dec 27 2005. ISSN 0027-8424 (Print) 0027-8424 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16357195> >.

LAM, V. et al. bantam miRNA is important for *Drosophila* blood cell homeostasis and a regulator of proliferation in the hematopoietic progenitor niche. **Biochem Biophys Res Commun**, v. 453, n. 3, p. 467-72, Oct 24 2014. ISSN 1090-2104 (Electronic) 0006-291X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25280996> >.

LARSON, M. K.; BENDER, R. C.; BAYNE, C. J. Resistance of *Biomphalaria glabrata* 13-16-R1 snails to *Schistosoma mansoni* PR1 is a function of haemocyte abundance and constitutive levels of specific transcripts in haemocytes. **Int J Parasitol**, v. 44, n. 6, p. 343-

53, May 2014. ISSN 1879-0135 (Electronic) 0020-7519 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24681237> >.

LAU, N. C. et al. Characterization of the piRNA complex from rat testes. **Science**, v. 313, n. 5785, p. 363-7, Jul 21 2006. ISSN 1095-9203 (Electronic) 0036-8075 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16778019> >.

LEE, G. J.; HYUN, S. Multiple targets of the microRNA miR-8 contribute to immune homeostasis in *Drosophila*. **Dev Comp Immunol**, v. 45, n. 2, p. 245-51, Aug 2014. ISSN 1879-0089 (Electronic) 0145-305X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24694685> >.

LEE, Y. et al. The nuclear RNase III Drosha initiates microRNA processing. **Nature**, v. 425, n. 6956, p. 415-9, Sep 25 2003. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/14508493> >.

LEE, Y. et al. MicroRNA maturation: stepwise processing and subcellular localization. **EMBO J**, v. 21, n. 17, p. 4663-70, Sep 2 2002. ISSN 0261-4189 (Print) 0261-4189 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12198168> >.

LEE, Y. et al. MicroRNA genes are transcribed by RNA polymerase II. **EMBO J**, v. 23, n. 20, p. 4051-60, Oct 13 2004. ISSN 0261-4189 (Print) 0261-4189 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15372072> >.

LEHR, T. et al. Localization of carbohydrate determinants common to *Biomphalaria glabrata* as well as to sporocysts and miracidia of *Schistosoma mansoni*. **Parasitology**, v. 135, n. 8, p. 931-42, Jul 2008. ISSN 1469-8161 (Electronic) 0031-1820 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18507884> >.

LEWIS, S. H. et al. Pan-arthropod analysis reveals somatic piRNAs as an ancestral defence against transposable elements. **Nat Ecol Evol**, v. 2, n. 1, p. 174-181, Jan 2018. ISSN 2397-334X (Electronic) 2397-334X (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29203920> >.

LI, C. et al. Collapse of germline piRNAs in the absence of Argonaute3 reveals somatic piRNAs in flies. **Cell**, v. 137, n. 3, p. 509-21, May 1 2009. ISSN 1097-4172 (Electronic) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19395009> >.

LI, Y.; PADGETT, R. W. bantam is required for optic lobe development and glial cell proliferation. **PLoS One**, v. 7, n. 3, p. e32910, 2012. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22412948> >.

LIANG, X. G. et al. MicroRNA-184 Modulates Human Central Nervous System Lymphoma Cells Growth and Invasion by Targeting iASPP. **J Cell Biochem**, v. 118, n. 9, p. 2645-2653, Sep 2017. ISSN 1097-4644 (Electronic) 0730-2312 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28012196> >.

LIM, L. P. et al. The microRNAs of *Caenorhabditis elegans*. **Genes Dev**, v. 17, n. 8, p. 991-1008, Apr 15 2003. ISSN 0890-9369 (Print) 0890-9369 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12672692> >.

LIU, C. et al. Tumor suppressor miR-1 inhibits tumor growth and metastasis by simultaneously targeting multiple genes. **Oncotarget**, v. 8, n. 26, p. 42043-42060, Jun 27 2017. ISSN 1949-2553 (Electronic) 1949-2553 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28159933> >.

LIU, K. et al. Structural basis for recognition of arginine methylated Piwi proteins by the extended Tudor domain. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 107, n. 43, p. 18398-403, Oct 26 2010. ISSN 1091-6490 (Electronic) 0027-8424 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20937909> >.

LIVAK, K. J.; SCHMITTGEN, T. D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C(T)) Method. **Methods**, v. 25, n. 4, p. 402-8, Dec 2001. ISSN 1046-2023 (Print) 1046-2023 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11846609> >.

LOCKYER, A. E. et al. Biomphalaria glabrata transcriptome: cDNA microarray profiling identifies resistant- and susceptible-specific gene expression in haemocytes from snail strains exposed to Schistosoma mansoni. **BMC Genomics**, v. 9, p. 634, 2008. ISSN 1471-2164 (Electronic) 1471-2164 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19114004> >.

LOKER, E. S.; BAYNE, C. J. Molecular studies of the molluscan response to digenean infection. **Adv Exp Med Biol**, v. 484, p. 209-22, 2001. ISSN 0065-2598 (Print) 0065-2598 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11418987> >.

LOVERDE, P. T.; GHERSON, J.; RICHARDS, C. S. Amebocytic accumulations in Biomphalaria glabrata: fine structure. **Dev Comp Immunol**, v. 6, n. 3, p. 441-9, Summer 1982. ISSN 0145-305X (Print) 0145-305X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7128891> >.

LUAN, Y. et al. Overexpression of miR-100 inhibits cell proliferation, migration, and chemosensitivity in human glioblastoma through FGFR3. **Onco Targets Ther**, v. 8, p. 3391-400, 2015. ISSN 1178-6930 (Print) 1178-6930 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26604796> >.

LUND, E. et al. Nuclear export of microRNA precursors. **Science**, v. 303, n. 5654, p. 95-8, Jan 2 2004. ISSN 1095-9203 (Electronic) 0036-8075 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/14631048> >.

MALONE, C. D. et al. Specialized piRNA pathways act in germline and somatic tissues of the Drosophila ovary. **Cell**, v. 137, n. 3, p. 522-35, May 1 2009. ISSN 1097-4172 (Electronic) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19395010> >.

MANNI, I. et al. The microRNA miR-92 increases proliferation of myeloid cells and by targeting p63 modulates the abundance of its isoforms. **FASEB J**, v. 23, n. 11, p. 3957-66, Nov 2009. ISSN 1530-6860 (Electronic) 0892-6638 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19608627> >.

MANSURI, M. S.; SINGH, M.; BEGUM, R. miRNA signatures and transcriptional regulation of their target genes in vitiligo. **J Dermatol Sci**, v. 84, n. 1, p. 50-58, Oct 2016. ISSN 1873-569X (Electronic) 0923-1811 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27450903> >.

MARQUES, D. P. et al. Reduced susceptibility of a Biomphalaria tenagophila population to Schistosoma mansoni after introducing the resistant Taim/RS strain of B. tenagophila into Herivelton Martins stream. **PLoS One**, v. 9, n. 6, p. e99573, 2014. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24941324> >.

MARTINS-SOUZA, R. L. et al. Silica treatment increases the susceptibility of the Cabo Frio strain of *Biomphalaria tenagophila* to *Schistosoma mansoni* infection but does not alter the natural resistance of the Taim strain. **Parasitol Res**, v. 91, n. 6, p. 500-7, Dec 2003. ISSN 0932-0113 (Print) 0932-0113 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/14530969> >.

MARTINS-SOUZA, R. L. et al. Differential lectin labelling of circulating hemocytes from *Biomphalaria glabrata* and *Biomphalaria tenagophila* resistant or susceptible to *Schistosoma mansoni* infection. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 101 Suppl 1, p. 185-92, Sep 2006. ISSN 0074-0276 (Print) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17308768> >.

MARTINS, M. C. et al. Usnic Acid Potassium Salt: An Alternative for the Control of *Biomphalaria glabrata* (Say, 1818). **PLoS One**, v. 9, n. 11, p. e111102, 2014. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25375098> >.

MELO, S. A.; ESTELLER, M. Disruption of microRNA nuclear transport in human cancer. **Semin Cancer Biol**, v. 27, p. 46-51, Aug 2014. ISSN 1096-3650 (Electronic) 1044-579X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24607282> >.

MEURS, L. et al. Is PCR the Next Reference Standard for the Diagnosis of *Schistosoma* in Stool? A Comparison with Microscopy in Senegal and Kenya. **PLoS Negl Trop Dis**, v. 9, n. 7, p. e0003959, 2015. ISSN 1935-2735 (Electronic) 1935-2727 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26217948> >.

MOAZED, D. Small RNAs in transcriptional gene silencing and genome defence. **Nature**, v. 457, n. 7228, p. 413-20, Jan 22 2009. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19158787> >.

MOHN, F. et al. The rhino-deadlock-cutoff complex licenses noncanonical transcription of dual-strand piRNA clusters in *Drosophila*. **Cell**, v. 157, n. 6, p. 1364-79, Jun 5 2014. ISSN 1097-4172 (Electronic) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24906153> >.

MORAZZANI, E. M. et al. Production of virus-derived ping-pong-dependent piRNA-like small RNAs in the mosquito soma. **PLoS Pathog**, v. 8, n. 1, p. e1002470, Jan 2012. ISSN 1553-7374 (Electronic) 1553-7366 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22241995> >.

NACIF-PIMENTA, R. et al. *Schistosoma mansoni* in susceptible and resistant snail strains *Biomphalaria tenagophila*: in vivo tissue response and in vitro hemocyte interactions. **PLoS One**, v. 7, n. 9, p. e45637, 2012. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23049828> >.

NASCIMENTO, G. L. et al. The cost of a disease targeted for elimination in Brazil: the case of schistosomiasis mansoni. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 114, p. e180347, Jan 14 2019. ISSN 1678-8060 (Electronic) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30652735> >.

NEGI, V. et al. Altered expression and editing of miRNA-100 regulates iTreg differentiation. **Nucleic Acids Res**, v. 43, n. 16, p. 8057-65, Sep 18 2015. ISSN 1362-4962 (Electronic) 0305-1048 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26209130> >.

NEGRAO-CORREA, D. et al. Interaction of *Schistosoma mansoni* Sporocysts and Hemocytes of *Biomphalaria*. **J Parasitol Res**, v. 2012, p. 743920, 2012. ISSN 2090-0031 (Electronic) 2090-0023 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22811885> >.

NEWTON, W. L. The inheritance of susceptibility to infection with *Schistosoma mansoni* in *Australorbis glabratus*. **Experimental Parasitology**, v. 2, n. 3, p. 242-257, 1953/07/01/ 1953. ISSN 0014-4894. Disponível em: < <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0014489453900368> >.

NILSSON, S. et al. Downregulation of miR-92a is associated with aggressive breast cancer features and increased tumour macrophage infiltration. **PLoS One**, v. 7, n. 4, p. e36051, 2012. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22563438> >.

NISHIDA, K. M. et al. Respective functions of two distinct Siwi complexes assembled during PIWI-interacting RNA biogenesis in *Bombyx* germ cells. **Cell Rep**, v. 10, n. 2, p. 193-203, Jan 13 2015. ISSN 2211-1247 (Electronic). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25558067> >.

NISHIMASU, H. et al. Structure and function of Zucchini endoribonuclease in piRNA biogenesis. **Nature**, v. 491, n. 7423, p. 284-7, Nov 8 2012. ISSN 1476-4687 (Electronic) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23064230> >.

OMS. Schistosomiasis. **Fact sheet N°115**, 20 February 2018 2018. Disponível em: < <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs115/en/> >.

OZATA, D. M. et al. PIWI-interacting RNAs: small RNAs with big functions. **Nat Rev Genet**, Nov 16 2018. ISSN 1471-0064 (Electronic) 1471-0056 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30446728> >.

PARAENSE, W. L.; CORREA, L. R. Susceptibility of *Australorbis tenagophilus* to infection with *Schistosoma mansoni*. **Rev Inst Med Trop Sao Paulo**, v. 5, p. 23-9, Jan-Feb 1963a. ISSN 0036-4665 (Print) 0036-4665 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/13941356> >.

\_\_\_\_\_. Variation in susceptibility of populations of *Australorbis glabratus* to a strain of *Schistosoma mansoni*. **Rev Inst Med Trop Sao Paulo**, v. 5, p. 15-22, Jan-Feb 1963b. ISSN 0036-4665 (Print) 0036-4665 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/13941355> >.

PARAENSE, W. L.; DESLANDES, N. Observation on the morphology of *Australorbis glabratus*. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 53, p. 87-103, 1955. ISSN 0074-0276. Disponível em: < [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0074-02761955000100009&nrm=iso](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0074-02761955000100009&nrm=iso) >.

PENG, J. C.; LIN, H. Beyond transposons: the epigenetic and somatic functions of the Piwi-piRNA mechanism. **Curr Opin Cell Biol**, v. 25, n. 2, p. 190-4, Apr 2013. ISSN 1879-0410 (Electronic) 0955-0674 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23465540> >.

PEREIRA, C. A. et al. Participation of cell-free haemolymph of *Biomphalaria tenagophila* in the defence mechanism against *Schistosoma mansoni* sporocysts. **Parasite Immunol**, v. 30, n. 11-12, p. 610-9, Nov-Dec 2008. ISSN 1365-3024 (Electronic) 0141-9838 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19067842> >.

PEREIRA FILHO, A. A. et al. EVALUATION OF THE MOLLUSCICIDAL POTENTIAL OF HYDROALCOHOLIC EXTRACTS OF *Jatropha gossypifolia* Linnaeus, 1753 ON *Biomphalaria glabrata* (Say, 1818). **Rev Inst Med Trop Sao Paulo**, v. 56, n. 6, p. 505-10, Dec 2014. ISSN 1678-9946 (Electronic) 0036-4665 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25351545> >.

PETERS, L.; MEISTER, G. Argonaute proteins: mediators of RNA silencing. **Mol Cell**, v. 26, n. 5, p. 611-23, Jun 8 2007. ISSN 1097-2765 (Print) 1097-2765 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17560368> >.

PIMENTEL, D. Life History of *Australorbis Glabratus*, The Intermediate Snail Host of *Schistosoma Mansoni* in Puerto Rico. **Ecology**, v. 38, n. 4, p. 576-580, 1957. ISSN 00129658, 19399170. Disponível em: < <http://www.jstor.org/stable/1943122> >.

PLOWS, L. D. et al. Carbohydrates that mimic schistosome surface coat components affect ERK and PKC signalling in *Lymnaea stagnalis* haemocytes. **Int J Parasitol**, v. 35, n. 3, p. 293-302, Mar 2005. ISSN 0020-7519 (Print) 0020-7519 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15722081> >.

PRAHER, D. et al. Characterization of the piRNA pathway during development of the sea anemone *Nematostella vectensis*. **RNA Biol**, v. 14, n. 12, p. 1727-1741, Dec 2 2017. ISSN 1555-8584 (Electronic) 1547-6286 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28783426> >.

QUEIROZ, F. R. et al. Differential expression of small RNA pathway genes associated with the *Biomphalaria glabrata*/*Schistosoma mansoni* interaction. **PLoS One**, v. 12, n. 7, p. e0181483, 2017. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28719649> >.

REINHART, B. J. et al. The 21-nucleotide let-7 RNA regulates developmental timing in *Caenorhabditis elegans*. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 901-6, Feb 24 2000. ISSN 0028-0836 (Print) 0028-0836 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10706289> >.

ROBERTS, A.; PACHTER, L. Streaming fragment assignment for real-time analysis of sequencing experiments. **Nat Methods**, v. 10, n. 1, p. 71-3, Jan 2013. ISSN 1548-7105 (Electronic) 1548-7091 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23160280> >.

ROBINSON, M. D.; MCCARTHY, D. J.; SMYTH, G. K. edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. **Bioinformatics**, v. 26, n. 1, p. 139-40, Jan 1 2010. ISSN 1367-4811 (Electronic) 1367-4803 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19910308> >.

ROMERO-CORDOBA, S. L. et al. miRNA biogenesis: Biological impact in the development of cancer. **Cancer Biol Ther**, v. 15, n. 11, p. 1444-55, Nov 2 2014. ISSN 1555-8576 (Electronic) 1538-4047 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25482951> >.

ROSA, F. M. et al. *Biomphalaria tenagophila*: dominant character of the resistance to *Schistosoma mansoni* in descendants of crossbreedings between resistant (Taim, RS) and susceptible (Joinville, SC) strains. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 100, n. 1, p. 19-23, Feb 2005. ISSN 0074-0276 (Print) 0074-0276 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15867958> >.



ROSENKRANZ, D. et al. Tupaia small RNAs provide insights into function and evolution of RNAi-based transposon defense in mammals. **RNA**, v. 21, n. 5, p. 911-22, May 2015. ISSN 1469-9001 (Electronic) 1355-8382 (Linking). Disponible em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25802409> >.

ROSENKRANZ, D.; ZISCHLER, H. proTRAC--a *software* for probabilistic piRNA *cluster* detection, visualization and analysis. **BMC Bioinformatics**, v. 13, p. 5, Jan 10 2012. ISSN 1471-2105 (Electronic) 1471-2105 (Linking). Disponible em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22233380> >.

SAITOU, N.; NEI, M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Mol Biol Evol**, v. 4, n. 4, p. 406-25, Jul 1987. ISSN 0737-4038 (Print) 0737-4038 (Linking). Disponible em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/3447015> >.

SARKIES, P. et al. Ancient and novel small RNA pathways compensate for the loss of piRNAs in multiple independent nematode lineages. **PLoS Biol**, v. 13, n. 2, p. e1002061, Feb 2015. ISSN 1545-7885 (Electronic) 1544-9173 (Linking). Disponible em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25668728> >.

SCHWARZ, D. S. et al. Asymmetry in the assembly of the RNAi enzyme complex. **Cell**, v. 115, n. 2, p. 199-208, Oct 17 2003. ISSN 0092-8674 (Print) 0092-8674 (Linking). Disponible em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/14567917> >.

SCOTT, M. I. H. Estudio morfológico y taxonómico de los Ampullaridos de la Republica Argentina. **Rev . Mus . Argentino Cien . Nat . Bernardino Rivadavia** v. Cien . Zoo 1 . , 3 (5), n. 231-333, p. 1-2 3, 1957. Disponible em: < <http://aquaticcommons.org/id/eprint/16245> >.

SILVA-NETO, A. et al. Ultrastructural characterization of cells in primary cultures from different adult tissues of *Biomphalaria tenagophila* TAIM, a strain that is absolutely resistant to *Schistosoma mansoni* infection. **Micron**, v. 67, p. 37-49, Dec 2014. ISSN 1878-4291 (Electronic) 0968-4328 (Linking). Disponible em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25016171> >.

SILVER, S. J. et al. Functional screening identifies miR-315 as a potent activator of Wingless signaling. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 104, n. 46, p. 18151-6, Nov 13 2007. ISSN 1091-6490 (Electronic) 0027-8424 (Linking). Disponible em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17989227> >.

SIMÕES, M. C. et al. Identification of *Schistosoma mansoni* microRNAs. **BMC Genomics**, v. 12, p. 47, 2011. ISSN 1471-2164 (Electronic) 1471-2164 (Linking). Disponible em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21247453> >.

SIRE, C. et al. Genetic diversity of *Schistosoma mansoni* within and among individual hosts (*Rattus rattus*): infrapopulation differentiation at microspatial scale. **Int J Parasitol**, v. 31, n. 14, p. 1609-16, Dec 2001. ISSN 0020-7519 (Print) 0020-7519 (Linking). Disponible em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11730788> >.

TAMURA, K. et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Mol Biol Evol**, v. 28, n. 10, p. 2731-9, Oct 2011. ISSN 1537-1719 (Electronic) 0737-4038 (Linking). Disponible em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21546353> >.

TENNESSEN, J. A. et al. Hyperdiverse gene *cluster* in snail host conveys resistance to human schistosome parasites. **PLoS Genet**, v. 11, n. 3, p. e1005067, Mar 2015. ISSN 1553-

7404 (Electronic) 1553-7390 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25775214> >.

THERON, A.; COUSTAU, C. Are Biomphalaria snails resistant to Schistosoma mansoni? **J Helminthol**, v. 79, n. 3, p. 187-91, Sep 2005. ISSN 0022-149X (Print) 0022-149X (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16153311> >.

THIVIERGE, C. et al. Tudor domain ERI-5 tethers an RNA-dependent RNA polymerase to DCR-1 to potentiate endo-RNAi. **Nat Struct Mol Biol**, v. 19, n. 1, p. 90-7, Jan 2012. ISSN 1545-9985 (Electronic) 1545-9985 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22179787> >.

THOMPSON, J. D.; GIBSON, T. J.; HIGGINS, D. G. Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. **Curr Protoc Bioinformatics**, v. Chapter 2, p. Unit 2 3, Aug 2002. ISSN 1934-340X (Electronic) 1934-3396 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18792934> >.

TREYVAUD, V. et al. Molluscicidal saponins from Phytolacca icosandra. **Phytochemistry**, v. 55, n. 6, p. 603-9, Nov 2000. ISSN 0031-9422 (Print) 0031-9422 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11130671> >.

URBAROVA, I. et al. Elucidating the Small Regulatory RNA Repertoire of the Sea Anemone Anemonia viridis Based on Whole Genome and Small RNA Sequencing. **Genome Biol Evol**, v. 10, n. 2, p. 410-426, Feb 1 2018. ISSN 1759-6653 (Electronic) 1759-6653 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29385567> >.

VAGIN, V. V. et al. A distinct small RNA pathway silences selfish genetic elements in the germline. **Science**, v. 313, n. 5785, p. 320-4, Jul 21 2006. ISSN 1095-9203 (Electronic) 0036-8075 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16809489> >.

VALENCIA-SANCHEZ, M. A. et al. Control of translation and mRNA degradation by miRNAs and siRNAs. **Genes Dev**, v. 20, n. 5, p. 515-24, Mar 1 2006. ISSN 0890-9369 (Print) 0890-9369 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16510870> >.

VAN DER KNAAP, W. P.; LOKER, E. S. Immune mechanisms in trematode-snail interactions. **Parasitol Today**, v. 6, n. 6, p. 175-82, Jun 1990. ISSN 0169-4758 (Print) 0169-4758 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15463334> >.

VYCHYTILOVA-FALTEJSKOVA, P. et al. Circulating PIWI-Interacting RNAs piR-5937 and piR-28876 Are Promising Diagnostic Biomarkers of Colon Cancer. **Cancer Epidemiol Biomarkers Prev**, v. 27, n. 9, p. 1019-1028, Sep 2018. ISSN 1538-7755 (Electronic) 1055-9965 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29976566> >.

WAGNER, G. P.; KIN, K.; LYNCH, V. J. Measurement of mRNA abundance using RNA-seq data: RPKM measure is inconsistent among samples. **Theory Biosci**, v. 131, n. 4, p. 281-5, Dec 2012. ISSN 1611-7530 (Electronic) 1431-7613 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22872506> >.

WANG, W. et al. MiR-1-3p inhibits the proliferation and invasion of bladder cancer cells by suppressing CCL2 expression. **Tumour Biol**, v. 39, n. 6, p. 1010428317698383, Jun 2017. ISSN 1423-0380 (Electronic) 1010-4283 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28618950> >.

WINTER, J. et al. Many roads to maturity: microRNA biogenesis pathways and their regulation. **Nat Cell Biol**, v. 11, n. 3, p. 228-34, Mar 2009. ISSN 1476-4679 (Electronic) 1465-7392 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19255566> >.

WU, Y. C. et al. The bantam microRNA acts through Numb to exert cell growth control and feedback regulation of Notch in tumor-forming stem cells in the Drosophila brain. **PLoS Genet**, v. 13, n. 5, p. e1006785, May 2017. ISSN 1553-7404 (Electronic) 1553-7390 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28520736> >.

XIOL, J. et al. RNA clamping by Vasa assembles a piRNA amplifier complex on transposon transcripts. **Cell**, v. 157, n. 7, p. 1698-711, Jun 19 2014. ISSN 1097-4172 (Electronic) 0092-8674 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24910301> >.

YANG, G. et al. Signature miRNAs involved in the innate immunity of invertebrates. **PLoS One**, v. 7, n. 6, p. e39015, 2012. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22723921> >.

YOU, H.; MCMANUS, D. P. Vaccines and diagnostics for zoonotic schistosomiasis japonica. **Parasitology**, p. 1-19, Oct 31 2014. ISSN 1469-8161 (Electronic) 0031-1820 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25359506> >.

ZAHOOR, Z. et al. Differences in the gene expression profiles of haemocytes from schistosome-susceptible and -resistant biomphalaria glabrata exposed to Schistosoma mansoni excretory-secretory products. **PLoS One**, v. 9, n. 3, p. e93215, 2014. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24663063> >.

ZANNI, V. et al. Distribution, evolution, and diversity of retrotransposons at the flamenco locus reflect the regulatory properties of piRNA clusters. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 110, n. 49, p. 19842-7, Dec 3 2013. ISSN 1091-6490 (Electronic) 0027-8424 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24248389> >.

ZHANG, C. Novel functions for small RNA molecules. **Curr Opin Mol Ther**, v. 11, n. 6, p. 641-51, Dec 2009. ISSN 2040-3445 (Electronic) 1464-8431 (Linking). Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20072941> >.

ZHANG, P. et al. MIWI and piRNA-mediated cleavage of messenger RNAs in mouse testes. **Cell Res**, v. 25, n. 2, p. 193-207, Feb 2015. ISSN 1748-7838 (Electronic) 1001-0602 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25582079> >.

ZHANG, Q. et al. Bioinformatics analysis to identify the critical genes, microRNAs and long noncoding RNAs in melanoma. **Medicine (Baltimore)**, v. 96, n. 29, p. e7497, Jul 2017. ISSN 1536-5964 (Electronic) 0025-7974 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28723760> >.

ZHOU, Z. et al. The identification and characteristics of immune-related microRNAs in haemocytes of oyster Crassostrea gigas. **PLoS One**, v. 9, n. 2, p. e88397, 2014. ISSN 1932-6203 (Electronic) 1932-6203 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24516648> >.

ZHU, J. Y. et al. The E3 ubiquitin ligase Nedd4/Nedd4L is directly regulated by microRNA 1. **Development**, v. 144, n. 5, p. 866-875, Mar 1 2017. ISSN 1477-9129 (Electronic) 0950-1991 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28246214> >.

ZHUANG, Y. et al. MicroRNA Regulation of Endothelial Junction Proteins and Clinical Consequence. **Mediators Inflamm**, v. 2016, p. 5078627, 2016. ISSN 1466-1861 (Electronic) 0962-9351 (Linking). Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27999452> >.

**10 - ANEXO I - Differential expression of small RNA pathway genes associated with the *Biomphalaria glabrata*/*Schistosoma mansoni* interaction**

RESEARCH ARTICLE

# Differential expression of small RNA pathway genes associated with the *Biomphalaria glabrata*/*Schistosoma mansoni* interaction

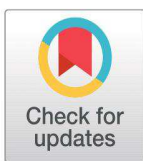
Fábio Ribeiro Queiroz<sup>1,2☯</sup>, Luciana Maria Silva<sup>2☯\*</sup>, Wander de Jesus Jeremias<sup>1☯</sup>, Élio Hideo Babá<sup>1‡</sup>, Roberta Lima Caldeira<sup>3‡</sup>, Paulo Marcos Zech Coelho<sup>1☯</sup>, Matheus de Souza Gomes<sup>4☯</sup>

**1** Grupo de Pesquisa em Biologia do *Schistosoma mansoni* e sua Interação com o Hospedeiro, Centro de Pesquisas René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, **2** Serviço de Biologia Celular do Departamento de Pesquisas e Desenvolvimento, Fundação Ezequiel Dias, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, **3** Grupo de Pesquisa em Helmintologia e Malacologia Médica, Centro de Pesquisas René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, **4** Laboratório de Bioinformática e Análises Moleculares, Instituto de Genética e Bioquímica, Campus Patos de Minas, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, Minas Gerais, Brasil

☯ These authors contributed equally to this work.

‡ These authors also contributed equally to this work.

\* [luciana.silva@funed.mg.gov.br](mailto:luciana.silva@funed.mg.gov.br)



**OPEN ACCESS**

**Citation:** Queiroz FR, Silva LM, Jeremias WdJ, Babá ÉH, Caldeira RL, Coelho PMZ, et al. (2017) Differential expression of small RNA pathway genes associated with the *Biomphalaria glabrata*/*Schistosoma mansoni* interaction. PLoS ONE 12 (7): e0181483. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181483>

**Editor:** Yong Pyo Lim, Chungnam National University, REPUBLIC OF KOREA

**Received:** January 27, 2017

**Accepted:** June 30, 2017

**Published:** July 18, 2017

**Copyright:** © 2017 Queiroz et al. This is an open access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

**Data Availability Statement:** All relevant data are within the paper and its Supporting Information files.

**Funding:** This work was supported by FAPEMIG, through project number APQ-00467-13 and CNPq - project number 479890/2013-7; CAPES, Rene Rachou Research Center/CPqRR - The Oswaldo Cruz Foundation and Ezequiel Dias Foundation - FUNED. The funders had no role in study design,

## Abstract

The World Health Organization (WHO) estimates that approximately 240 million people in 78 countries require treatment for schistosomiasis, an endemic disease caused by trematodes of the genus *Schistosoma*. In Brazil, *Schistosoma mansoni* is the only species representative of the genus whose passage through an invertebrate host, snails of the genus *Biomphalaria*, is obligatory before infecting a mammalian host, including humans. The availability of the genome and transcriptome of *B. glabrata* makes studying the regulation of gene expression, particularly the regulation of miRNA and piRNA processing pathway genes, possible. This might assist in better understanding the biology of *B. glabrata* as well as its relationship to the parasite *S. mansoni*. Some aspects of this interaction are still poorly explored, including the participation of non-coding small RNAs, such as miRNAs and piRNAs, with lengths varying from 18 to 30 nucleotides in mature form, which are potent regulators of gene expression. Using bioinformatics tools and quantitative PCR, we characterized and validated the miRNA and piRNA processing pathway genes in *B. glabrata*. *In silico* analyses showed that genes involved in miRNA and piRNA pathways were highly conserved in protein domain distribution, catalytic site residue conservation and phylogenetic analysis. Our study showed differential expression of putative Argonaute, Drosha, Piwi, Exportin-5 and Tudor genes at different snail developmental stages and during infection with *S. mansoni*, suggesting that the machinery is required for miRNA and piRNA processing in *B. glabrata* at all stages. These data suggested that the silencing pathway mediated by miRNAs and piRNAs can interfere in snail biology throughout the life cycle of the snail, thereby influencing the *B. glabrata*/*S. mansoni* interaction. Further studies are needed to confirm the participation of the small RNA processing pathway proteins

data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

**Competing interests:** We declare that there is no conflict of interest, whether financial or non-financial origin, involved in the publication of this article.

in the parasite/host relationship, mainly the effective participation of small RNAs in regulating their target genes.

## Introduction

Small noncoding RNAs (ncRNAs) are an important class of RNAs that regulate gene expression. Among these, the miRNAs, siRNAs and piRNAs have been considered the most important small RNAs [1, 2]. They are defined by their length of 18 to 30 nucleotides (nt), their biogenesis and their interaction with Argonaute-proteins [3–5]. The miRNAs are conserved regulators of gene expression in animals and plants and participate in countless biological processes, such as cell growth, proliferation and differentiation as well as organismal metabolism and development [6–8]. Mature piRNAs are associated with PIWI proteins in germline cells and mutations in the piRNA pathway genes resulted in germline cells defects in *Caenorhabditis elegans* and mice [9–11].

Post-transcriptional regulation of gene expression by miRNA and piRNAs is normally referred to as transcript silencing, and there are several core and accessory proteins involved. In animals, the miRNA silencing pathway starts in the nucleus with primary microRNA (pri-miRNA) transcripts synthesized from a DNA template by RNA polymerase II [1]. Inside the nucleus the pri-miRNA is cleaved into pre-miRNA by a microprocessor complex mediated by the RNase III Droscha [12, 13]. The pre-miRNA has a hairpin structure of ~ 60 to 120 nucleotides which is exported from nucleus to cytoplasm by Exportin-5 and RAN-GTP [14–16]. In the cytoplasm, the pre-miRNA is cleaved by Dicer, another RNase III, near the terminal loop, producing a double-stranded structure [17, 18]. In animals, Dicer must interact with protein Loquacious to process the pre-miRNA, which can interfere directly in the production of miRNAs [19–21].

The double strand structure processed by Dicer is loaded onto the RNA-induced silencing complex (RISC) by the Argonaute protein [1, 22, 23]. The Argonaute family is composed of two distinct subclades: AGO and PIWI [24]. Members of the AGO clade are associated with miRNAs and siRNAs, whereas PIWI proteins are associated with piRNAs [23, 25]. Argonaute selects the guiding strand of the small RNA to form the RISC complex [26–31]. The RISC complex is composed of other proteins such as Tudor-SN and FMR-1 [32].

In the RISC complex, the mature miRNAs regulate the expression of the mRNA targets via 3'UTR binding [33]. When the recognition of mRNAs by the RISC-miRNA complex is perfect, complete mRNA degradation occurs. Normally, this process also occurs in plants. However, the recognition can be non-perfect, in which case only translational repression of the mRNA occurs [34–37].

The biogenesis of piRNAs is not well understood, but studies in animals such as *Drosophila melanogaster*, *C. elegans* and mouse have improved the understanding of this mechanism [38]. Silencing mediated by piRNAs is characterized by two major pathways: the primary processing pathway and the ping-pong cycle that amplifies secondary piRNAs [11, 39, 40].

In the primary processing pathway, clusters or transposons containing regions that generate piRNAs are transcribed as antisense single strands, and precursor piRNAs are processed by PIWI proteins; however, the entire process is still incompletely characterized [39]. The ping-pong mechanism most likely involves slicer activity of Aubergine and Argonaute 3, and the

transcripts can be sense or antisense [41, 42]. Studies have shown that Piwi proteins act in association with proteins containing a TUDOR domain, and this association is necessary for the normal function of the Piwi protein in the biogenesis of piRNAs [39, 43–45].

Recently, an international consortium sequenced, analyzed and published the whole genome and transcriptome of *B. glabrata* [46]. The genome data was deposited in VectorBase (<https://www.vectorbase.org/organisms/biomphalaria-glabrata>) [46–48]. The study focused on the *B. glabrata* genome analysis providing novel details on the biological properties of *B. glabrata*. The authors predicted 14,423 gene models. These genes are involved in several biological processes such as stress responses, immune function and regulation of gene expression. Particularly, the authors identified nine genes responsible for miRNAs and piRNAs processing machinery. These pathways may assist in our understanding of the biology of *B. glabrata* and its relationship with the parasite *S. mansoni*. In Brazil, *B. glabrata* is the most important species in the transmission of *S. mansoni* [49]. All strains of this species are susceptible to infection by *S. mansoni* [50]. Some aspects of this interaction are still poorly explored, including the participation of small RNAs in the biology and interaction between *B. glabrata* and the parasite *S. mansoni* [50, 51].

Despite the great potential for understanding the parasite life cycle, neither the role of small RNAs in schistosomiasis nor the role of small RNAs in the intermediate host have been well explored. In *S. mansoni*, the processing pathway of miRNAs has been characterized with differential gene expression of Argonaute and Dicer genes [52], and putative miRNAs have been identified through cloning, sequencing and bioinformatics techniques; interestingly, the piRNAs machinery was not observed in *S. mansoni* [52–54]. Although there are studies in the literature involving gene silencing by siRNAs in *B. glabrata* [46, 55, 56], this is the first time that the small RNA processing machinery in *B. glabrata* has been characterized and validated.

Our aims were to characterize by bioinformatics techniques and validate by qRT-PCR miRNA/piRNA processing pathway genes in *B. glabrata*. We hypothesized that the small RNA processing pathway genes are conserved in *B. glabrata* and that the genes participate in *S. mansoni* infection by interfering directly with the gene expression profile of the snail.

## Materials and methods

### Conserved domain and phylogenetic analyses of miRNA and piRNA pathway genes

The putative *B. glabrata* genes involved in the miRNA and piRNA pathways, their respective proteins sequences and their annotation were retrieved from the *B. glabrata* genome database in VectorBase (<https://www.vectorbase.org/organisms/biomphalaria-glabrata>) (S1 Table). They were underpinned by Pfam (30.0) and CDD databases to search for conserved domains, motifs and active site amino acids. The genes orthologous to Bgl-Argonaute, Bgl-Piwi, Bgl-Dicer and Bgl-Drosha were searched in the NCBI Refseq database using Blastp to obtain their homologs from animal species. The best hits from protostomes and deuterostomes animals and from *S. mansoni* host animals were retrieved in amino acid fasta format. Multiple alignments of those sequences were done using ClustalX 2.1 [57], and phylogenetic analyses were carried out using MEGA 5.2 [58]. Phylogenetic trees based on the analyses of those sequences were inferred using the neighbor-joining method [59], and the evolutionary distance was computed using the JTT model [60]. The bootstrap consensus tree inferred from 1000 replicates was used to represent the evolutionary history of the taxon analysed [61].

## Biological samples

*B. glabrata* snails (Belo Horizonte strain—056/2012/SECEX/CGEN) were obtained from Moluscario Lobato Paraense at the Rene Rachou Research Center. The snails were chosen according to their sexual stage. Specimens up to 18 days after hatching were considered sexually immature and after 20 days were considered sexually mature. For infection assays, sexually mature snails from 7 to 15 mm in size were infected individually with 10 miracidia of *S. mansoni* strain LE and maintained for 3 hours under artificial light. After that, the snails were maintained in an aquarium. A total of 30 snails for each time point, with different *S. mansoni* infection time were obtained: 4 hours, 12 hours, 24 hours, 7 days, 15 days, 21 days and 30 days after infection covering all the stages of development of *S. mansoni* in the snail. For control, snails were maintained in the same condition without infection for each time point. A group of infected snails was maintained for 38 days, being exposed to artificial light at the end of this period to confirm the cercariae elimination, with an infection success rate of over 74%.

## RNA preparation and quantitative real-time PCR

Total RNA was isolated and real-time RT-PCR assays were performed. Whole snails, including the hemolymph, were frozen in liquid nitrogen, macerated and used for total RNA extraction. After homogenizing with 1 ml Tri Reagent<sup>®</sup> (Sigma-Aldrich) the samples were treated with TURBO DNA-free (Ambion) and quantified using NanoDrop as recommended by the manufacturer. The RNA quality was analysed with a bioanalyzer (Agilent), and all the samples showed adequate quality. For synthesis of cDNA, we used the High-capacity Kit (Life Technologies<sup>™</sup>) according to manufacturer instructions. The primers used in q-PCR assays are shown in S2 Table, and their products in 2% agarose gels are shown in S1 Fig. All primers were designed using the program GeneRunner<sup>®</sup>. RNA that was not reverse-transcribed and without cDNA was used as a negative control. The qRT-PCR assays were performed using Power SYBR Green Master Mix (Invitrogen). The efficiency for each pair of primers was evaluated using Applied Biosystems 7500 software with serial dilutions of 1:1, 1:2, 1:4, 1:8, 1:16 and 1:32. After efficiency analysis only Bgl-Argonaute, Bgl-Drosha, Bgl-Piwi, Bgl-Exportin-5 and Bgl-Tudor genes presented  $R^2 \geq 0,985$  and efficiencies from 90 to 110% following for PCR assays [62]. For all investigated transcripts, three biological replicates were performed and gene expression levels were normalized using the myoglobin transcript according to the  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  method [63]. Statistical analyses among different groups for each gene were performed using the One-Way Anova, with Tukey test as post-hoc test on GraphPad Prism<sup>®</sup> 5.0 (GraphPad Software, Inc., San Diego, USA). Values of  $p \leq 0.05$  were considered statistically significant and are denoted with asterisks in the figures.

## Sanger sequencing

Sanger sequencing of PCR products was performed for primers validation [64, 65]. The CAP3 algorithm (<http://doua.prabi.fr/software/cap3>) was used for sequence assembly and contig analysis [66]. Blastn and Clustal X 2.1 were used to analyze and confirm the miRNAs and piRNA pathway genes amplification.

## Results

### Characterization of putative miRNAs and piRNA pathway proteins: Alignment and phylogenetic analysis

The putative *B. glabrata* proteins involved in the miRNAs and piRNA pathways were retrieved from Vectorbase and used to find homologous proteins from other organisms in the NCBI



RefSeq protein database. We selected Bgl-Argonaute (S3 Table), Bgl-Piwi (S4 Table), Bgl-Drosha (S5 Table) and Bgl-Dicer (S6 Table) for further *in silico* analysis. The best orthologous protein Blast hits from Protostomes, Deuterostomes and *S. mansoni* host species were retrieved for further analyses.

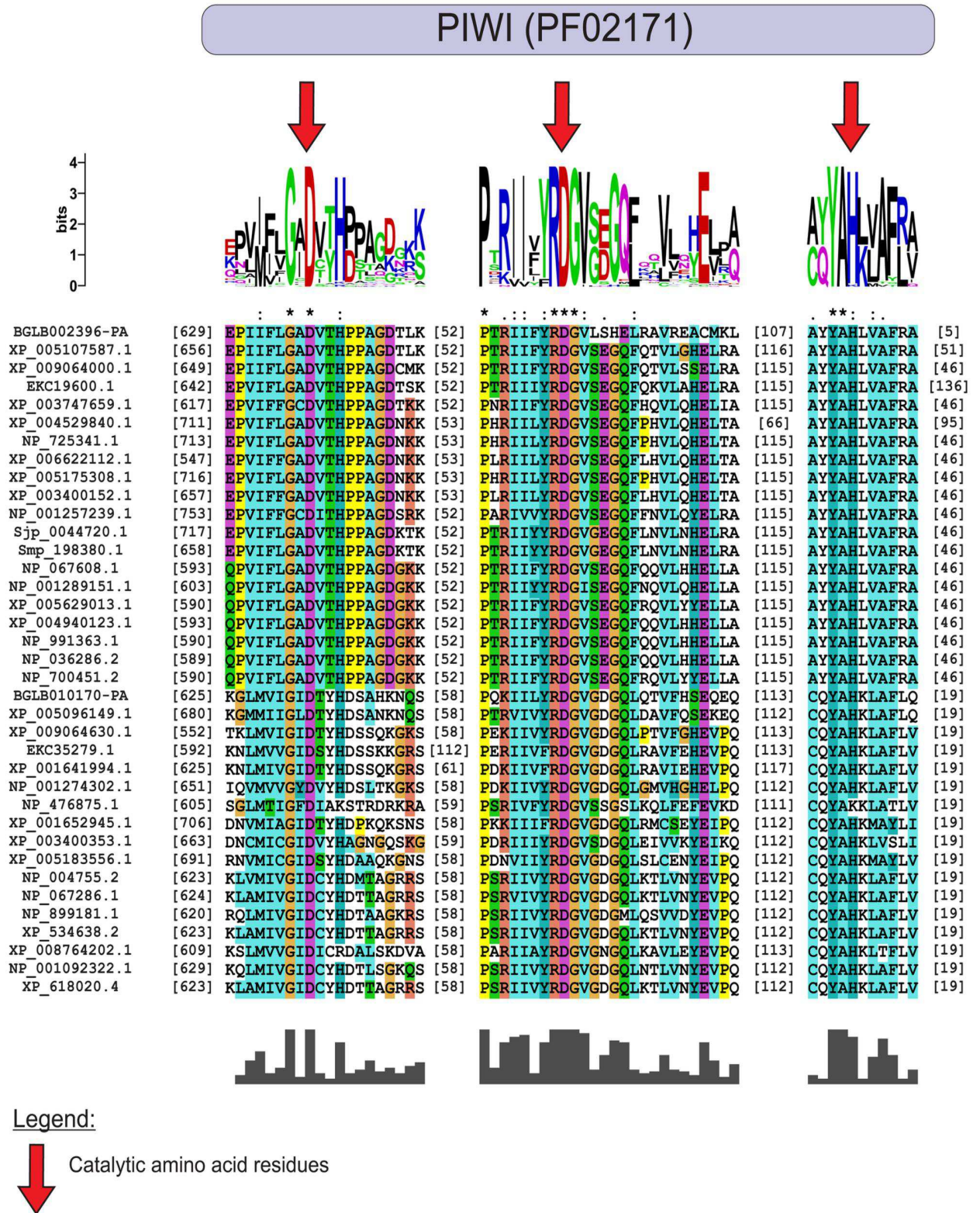
Our studies showed that the *B. glabrata* small RNA pathway proteins Bgl-Argonaute and Bgl-Piwi have the same catalytic site amino acid residues involved in slicer function as the model organisms, *D. melanogaster* and *C. elegans*. In the alignments of Bgl-Argonaute and Bgl-Piwi (Fig 1) and their orthologous proteins, the catalytic amino acids DDH (aspartic acid, aspartic acid and histidine) of the PIWI domain, which are important for cleavage of longer miRNA precursors [67, 68], were highly conserved. Bgl-Drosha and Bgl-Dicer (Fig 2) had RIBOc domains with conserved residues EDDE (glutamic acid, aspartic acid, aspartic acid, glutamic acid), which are important for the cleavage of miRNA precursors [13, 69]. The sequence for Bgl-Drosha did not contain a second RIBOc domain, probably due to lack of coverage in the sequencing of this genome region. Future genome versions might solve this issue. These results provide strong evidence that small RNAs pathway genes are present in the *B. glabrata* genome and play a similar function in the snail cells compared to their orthologues.

The proteins Bgl-Argonaute (855 aa), Bgl-Piwi (854 aa), Bgl-Drosha (1128 aa) and Bgl-Dicer (2165 aa) were analysed using the Pfam database, and they displayed a conserved domain distribution compared to their orthologues (Fig 3).

To evaluate the evolutionary history of *B. glabrata* small RNA pathway proteins, a phylogenetic tree was generated using the neighbor-joining method with high bootstrap values (1000). Bgl-Argonaute, Bgl-Piwi, Bgl-Dicer and Bgl-Drosha clustered with their respective orthologous proteins, indicating strong structural conservation of these proteins. The amino acid sequences demonstrated evident separation between clades in both Argonaute family proteins, Argonaute-like and Piwi-like proteins, and RNase III family proteins, Dicer-like and Drosha-like proteins. As shown in Fig 4, Bgl-Argonaute and Bgl-Piwi clustered with their respective orthologous proteins from *Aplysia californica*, *Lottia gigantea* and *Crassostrea gigas* species forming a Mollusca clade. The RNase III Drosha and Dicer proteins (Fig 5) clustered with their orthologues from Mollusca species. Bgl-Drosha formed a clade with *C. gigas* and Bgl-Dicer with *A. californica*. These results confirmed that these putative *B. glabrata* proteins are, in fact, true orthologues and likely maintain their function in the various species.

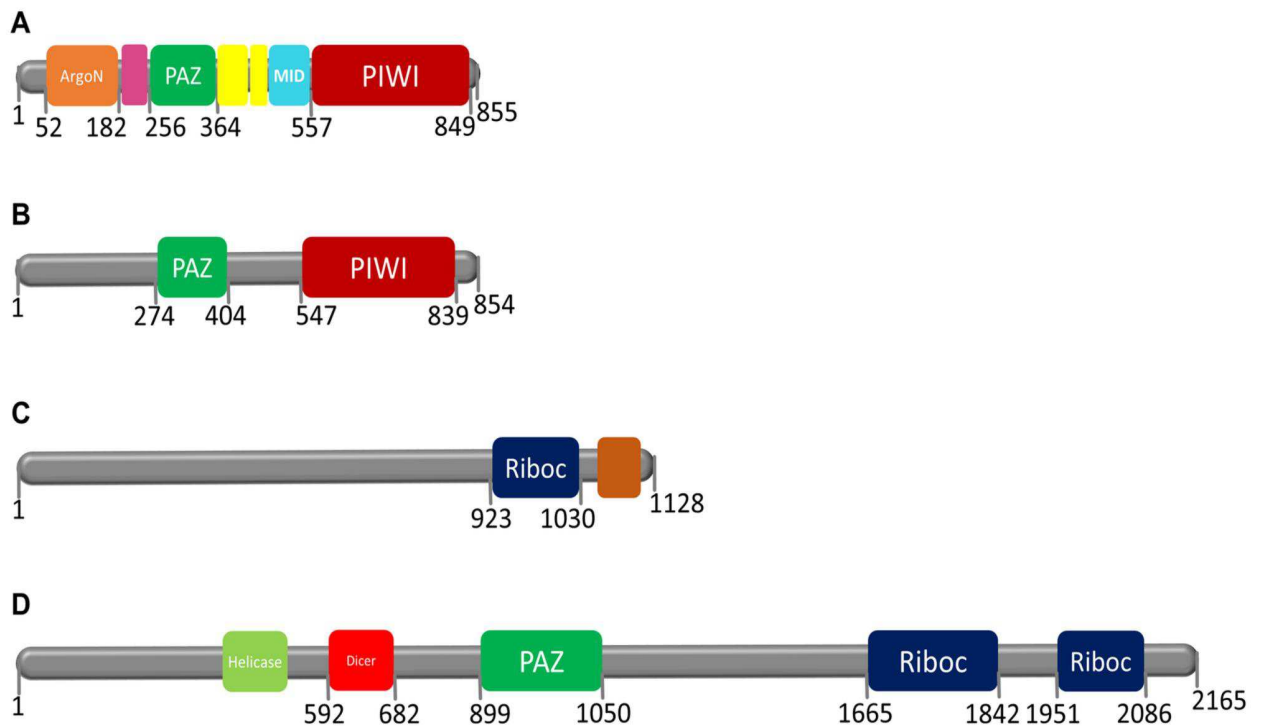
## Relative gene expression profile analysis by quantitative real-time PCR

After characterizing *B. glabrata* small RNAs genes by bioinformatics analyses, we validated the results using real-time PCR targeting five genes, Bgl-Argonaute, Bgl-Piwi, Bgl-Drosha, Bgl-Exportin-5 and Bgl-Tudor. Initially we aimed to uncover the gene expression profiles of these genes across several stages of snail development. For that, we selected the following development times: egg mass, and 5, 10, 20 and 40 days after hatching. The first time point was used as a control. These times were selected to include sexually immature and mature snails to cover a wide span of the life cycle. The sexual maturation of *B. glabrata* is very variable, but in general, the snail is considered mature when oviposition begins, which normally starts at 7 weeks of life, as was reported by Pimentel (1957) [70]. In the Moluscario Lobato Paraense, we observed that *B. glabrata* displays sexual maturation after 20 days, which is different of other species, such as *B. tenagophila*, which displays sexual maturation from 40 to 47 days. Based on these observations, time points at 5 and 10 days were chosen to represent immature snails, and the 20 day time point to represent the beginning of sexual maturation. These times represent an important range of snail development and, all these were compared to egg mass as control. Thus, we were able to confirm differential gene expression at different *B. glabrata* development



**Fig 1. Multiple alignment of the PIWI domain of Ago-like and Piwi-like proteins.** The highlighted residues, D (aspartic acid) and H (Histidine), which are highly conserved in the PIWI domains of *B. glabrata* and their orthologues, are responsible for the catalytic activity. The sequences used for the Ago-like family were as follows: BGLB002396-PA (*Biomphalaria glabrata*), XP\_005107587.1 (*Aplysia californica*), XP\_009064000.1 (*Lottia gigantea*), EKC19600.1 (*Crassostrea gigas*), XP\_003747659.1 (*Metaseiulus occidentalis*), XP\_004529840.1 (*Ceratitis capitata*), NP\_725341.1 (*Drosophila melanogaster*), XP\_006622112.1 (*Apis dorsata*), XP\_005175308.1 (*Musca domestica*), XP\_003400152.1 (*Bombus terrestris*), NP\_001257239.1 (*Caenorhabditis elegans*), Sjp\_0044720.1 (*Schistosoma japonicum*), Smp\_198380.1 (*Schistosoma mansoni*), NP\_067608.1 (*Rattus norvegicus*), NP\_001289151.1 (*Danio rerio*), XP\_005629013.1 (*Canis lupus*)



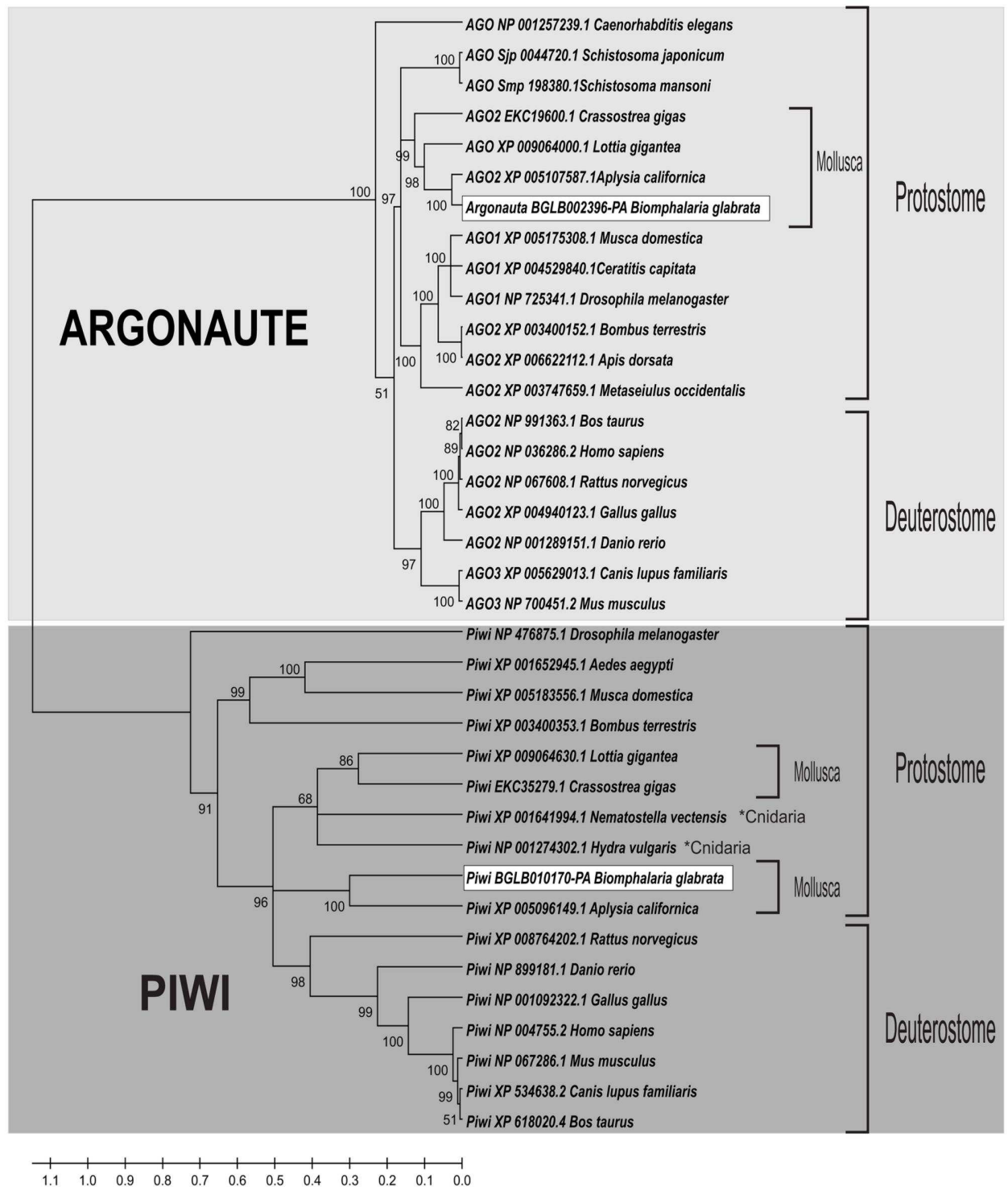


**Fig 3. Domain structure of small RNA processing pathway proteins in *B. glabrata*.** **A**—*Bgl-Argonaute* has the following domains: ArgoN (PF16486—position 52 to 182 and E-value  $8.5e^{-31}$ ), ArgoL1 (PF08699—position 192 to 242 and E-value  $9.8e^{-24}$ ), PAZ (PF02170—position 256 to 364 and E-value  $8.7e^{-18}$ ), ArgoL2 (PF16488—position 373 to 419 and E-value  $1.6e^{-12}$ ), ArgoL2 (PF16488—position 424 to 460 and E-value  $4.4e^{-12}$ ), ArgoMid (PF16487—position 470 to 550 and E-value  $2.4e^{-34}$ ) and PIWI (PF02171—position 557 to 849 and E-value  $4.7e^{-104}$ ); **B**—*Bgl-Piwi* has the following domains: PAZ (PF02170—position 274 to 404 and E-value  $1.3e^{-32}$ ) and PIWI (PF02171—position 547 to 839 and E-value  $6.2e^{-98}$ ); **C**—*Bgl-Drosha* has the following domains: Ribonuclease\_3\_3 (PF14622—position 923 to 1030 and E-value  $1.3e^{-21}$ ) and DSRM (PF00035—position 1081 to 1124 and E-value  $2.00e^{-06}$ ); **D**—*Bgl-Dicer* has the following domains: Helicase\_C (PF00271—position 423 to 503 and E-value  $5.4e^{-12}$ ), Dicer\_dimer (PF03368—position 592 to 682 and E-value  $1.3e^{-24}$ ), PAZ (PF02170—position 899 to 1050 and E-value  $1.2e^{-33}$ ), Ribonuclease\_3 (PF00636—position 1665 to 1842 and E-value  $8.2e^{-34}$ ) and Ribonuclease\_3 (PF00636—position 1951 to 2086 and E-value  $9.7e^{-22}$ ).

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181483.g003>

times. The relative expression of genes (Fig 6) displayed an interesting profile that showed the important participation of these genes in snail development. The *Bgl-Tudor* profile was very intriguing because this gene was always down regulated. As *Tudor* is an important gene in both miRNA and piRNA pathways [43, 44] its role is probably strongly linked to regulating the gene expression of small RNA machinery genes in *B. glabrata*.

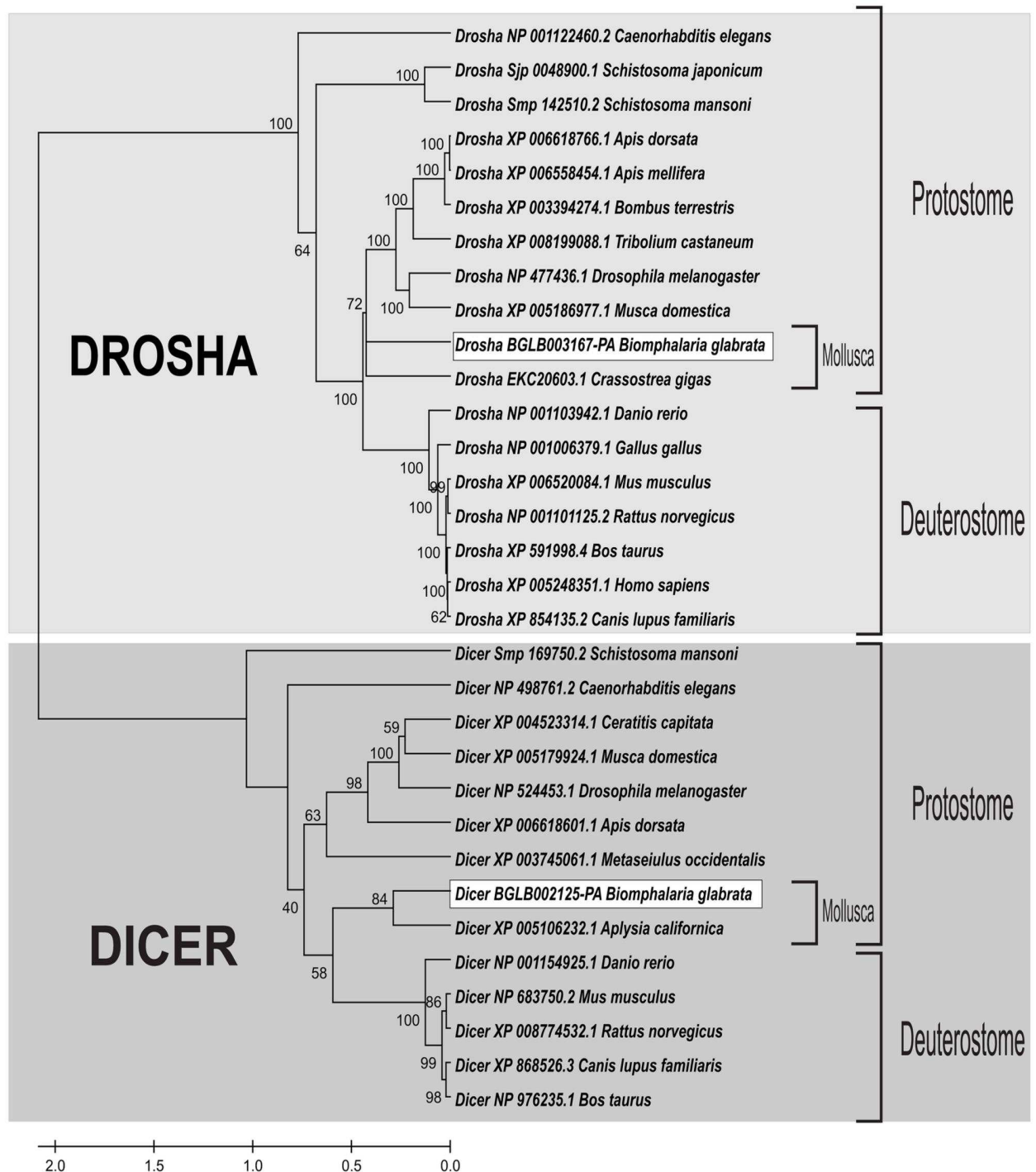
After confirming the importance of the small RNA pathway in snail development, we asked the following: does the infection by *S. mansoni* interfere with the gene expression of small RNA pathway genes in *B. glabrata*? For this, we proposed to study seven chronologically important moments during the process of infection by *S. mansoni*. The first moment was 4 hours after infection because it marks the first reactions of snail to *S. mansoni* penetration. The next 12 and 24 hours are important because they represent the first *S. mansoni* transformation within the snail body. At 7 days, *S. mansoni* uses several strategies to escape the immunologic responses of the snail [71, 72]. At 15 and 21 days, which marks a remarkable period for the interaction, the parasites undergo modifications to transition from primary to secondary sporocysts and start moving to the digestive gland of the snail. At 30 days, the snail begins the cercariae elimination. All these time points are well known and were chosen to cover a wide range of development stages of the parasite within the snail host [71–74]. Duplicate control groups for all infection time points were included using uninfected snails to control for gene expression. We observed differential expression for *Bgl-Argonaute*, *Bgl-Drosha*, *Bgl-Piwi*, *Bgl-*



**Fig 4. Phylogenetic tree of Bgl-Argonaute and Bgl-Piwi with their orthologues.** The phylogenetic analysis was performed using Mega 5.2 with bootstrap analysis. Bootstrap percentages are indicated at each branch.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181483.g004>

Exportin-5 and Bgl-Tudor throughout all infection times (Fig 7). The behaviour of *B. glabrata* genes at different time points during infection was very interesting, especially at 4 hours after infection, when all the genes showed strong down-regulation. The migration and transformation of parasites within snails conferred similar expression profiles among genes.

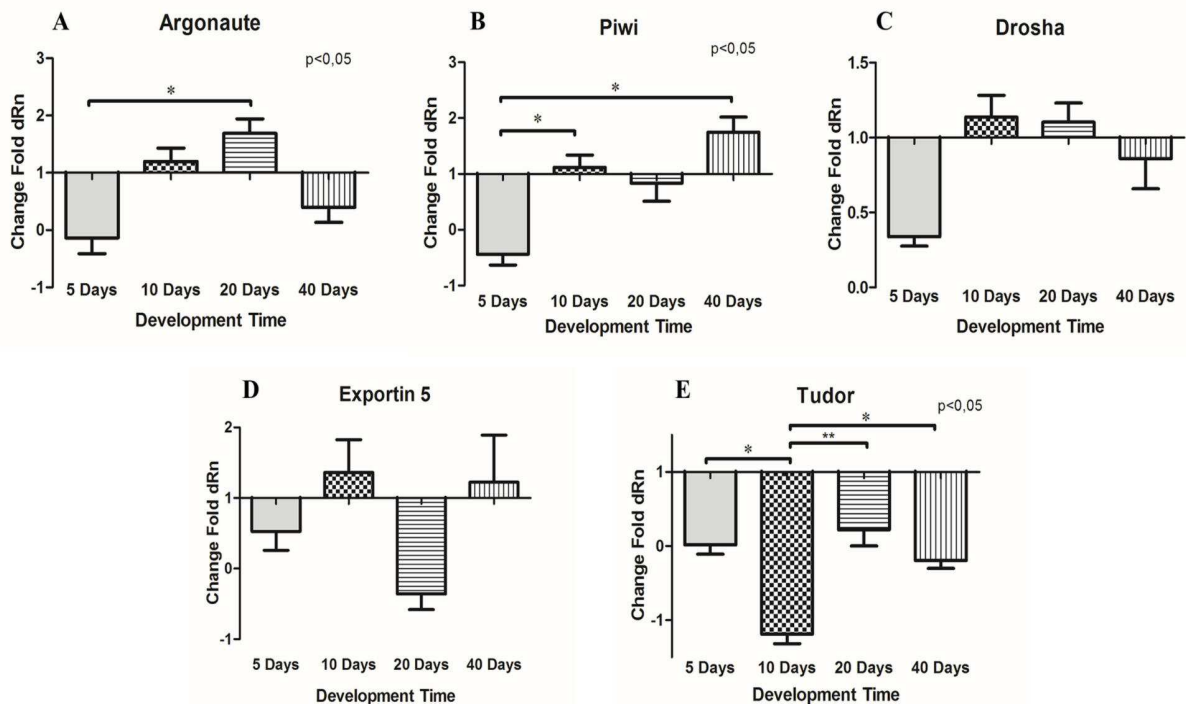


**Fig 5. Phylogenetic tree of Bgl-Drosha and Bgl-Dicer with their orthologues.** The phylogenetic analysis was performed using Mega 5.2 with bootstrap analysis. Bootstrap percentages are indicated at each branch.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181483.g005>

### Sequencing of the PCR products

The PCR products were sequenced by the Sanger method. This was important to confirm the amplicon used to measure gene expression. For analysis, we used the CAP3 algorithm (<http://doua.prabi.fr/software/cap3>). The contigs (S7 Table) were compared using the Blastn and



**Fig 6. Relative gene expression for several development times in *B. glabrata* using the time of mass eggs as the baseline of assay for all genes.** A—Argonaute was significantly up-regulated at 20 days of development compared to 5 days; B—Piwi was significantly up-regulated at 10 and 40 days compared to 5 days; C—Drosha levels were not significantly different among the groups; D—Exportin-5 was not significantly different among the groups; E—Tudor was significantly down-regulated at 10 days compared to all other times.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181483.g006>

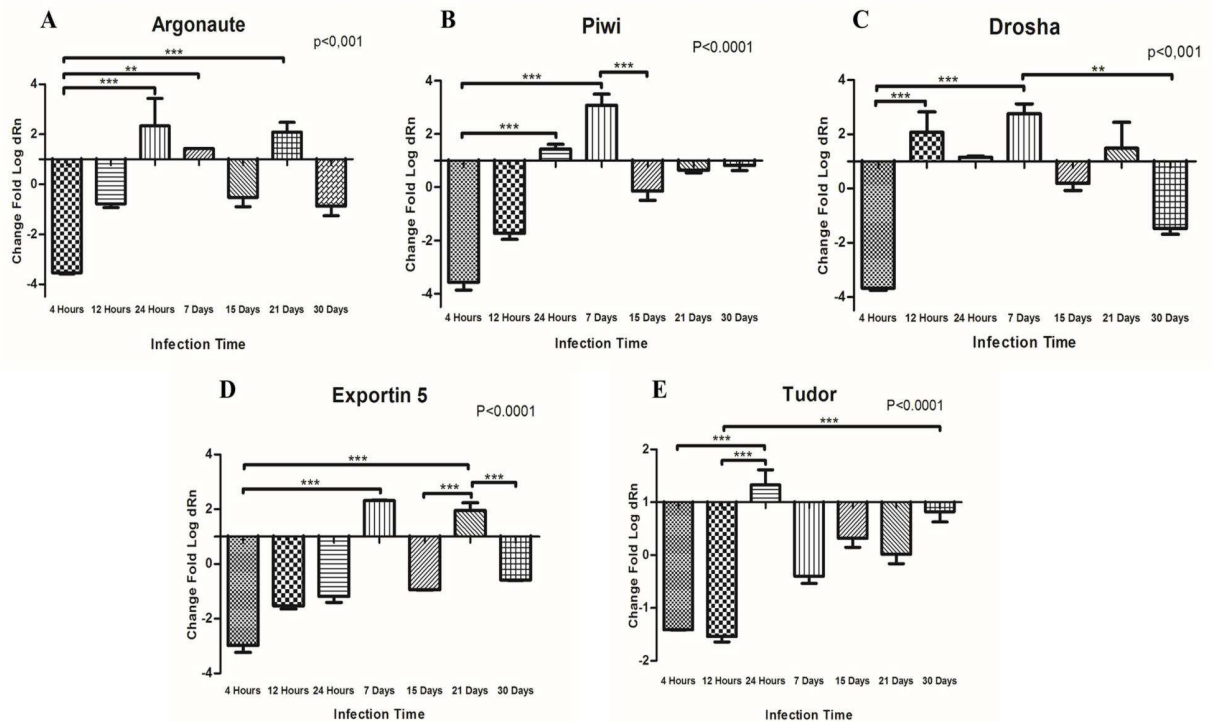
RefSeq NCBI databases, using only the reference organisms *D. melanogaster* and *C. elegans*. All genes were the same as designed, confirming the *B. glabrata* genome sequence.

## Discussion

Recently, Adema et. al (2017), in the whole *B. glabrata* genome paper, predicted the putative small RNA pathway genes in the international collaborative work consortium among researches worldwide, aiming to decode the snail genome. In our study, instead of prediction through sequencing and *in silico* analysis, we had characterized and validated those genes for putative small RNA pathway in different snail life times and in infection conditions through RT-qPCR study. Additionally, we identified and validated another important gene involved in miRNA biogenesis, the Exportin-5, which was not identified in genome initiative.

In *B. glabrata*, we showed the participation of small RNAs pathway genes at crucial moments of the snail life cycle and in interaction with the *S. mansoni* parasite. First, we retrieved the *B. glabrata* small RNA pathway genes and their respective putative proteins from VectorBase. The Bgl proteins were compared with their orthologues from different organisms, showing high similarity at the amino acid level. We showed that Bgl-Argonaute and Bgl-Piwi had 855 and 854 amino acids, respectively, and the PIWI domain had, in both, 292 amino acids with catalytic residues DDH [1, 67]. These residues are highly conserved and very important for slicer activity of the PIWI domain [68, 75, 76]. They are responsible for cleaving the complementary strand, preserving the strand guide and binding the magnesium ion [77, 78]. The concentration of this ion is critical for the function of the silencing process [77].

Proper function of the small RNA processing pathway depends directly on the RNases III enzymes, Drosha and Dicer and their absence might promote the occurrence of numerous



**Fig 7. Relative gene expression of *B. glabrata* at several time points of infection by *S. mansoni* using uninfected snails at the same time points as a baseline.** **A—Argonaute** was significantly down-regulated 4 hours after infection compared to 24 hours, 7 days and 21 days after infection; **B—Piwi** was significantly down-regulated at 4 hours compared to 24 hours and 7 days but was significantly up-regulated at 7 days compared to 15 days; **C—Drosha** was significantly down-regulated at 4 hours compared to 12 hours and 7 days but was significantly up-regulated at 7 days compared to 30 days; **D—Exportin-5** was significantly down-regulated at 4 hours compared to 7 days and 21 days; and significantly up-regulated at 21 days compared to 15 and 30 days; **E—Tudor** was significantly down-regulated at 4 hours compared to 24 hours and significantly down-regulated at 12 hours compared to 24 hours and 30 days.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181483.g007>

disorders [69, 79]. In *B. glabrata*, the sequence of the putative Drosha gene might not be complete because a second Riboc domain was not found. Bgl-Drosha had a sequence of only 1128 amino acids. Other sequencing attempts may be necessary to complete this missing region. However, the first Riboc domain contained all the important catalytic residues D and E (aspartic acid and glutamic acid) [12, 13, 80]. Drosha, in association with DGCR8, has been identified as important for cleavage of pri-miRNA to pre-miRNA [13]. We were not able to identify and characterize DGCR-8 gene in *B. glabrata*.

The alignment and phylogenetic tree of Bgl-Dicer confirmed the same RNase III properties found in their orthologues. Bgl-Dicer has 2165 amino acids and two complete Riboc domains. The important residues, EEDD in the first domain and QEDDE in the second domain, demonstrated the capacity of Bgl-Dicer to bind with magnesium ions and cleave the pre-miRNAs to create a double strand RNA, miRNA duplex [13, 69, 79].

The results confirmed that *B. glabrata* has the genes involved in miRNA and piRNA processing pathways and that these genes have all the domains and amino acids residues important for normal function as observed in their orthologous organisms. To validate these genes, we performed real-time PCR assays and sequencing. We determined the gene expression profile of some miRNA and piRNA pathway genes at different time points in the snail life cycle. We also evaluated the role of infection by *S. mansoni* on the expression of *B. glabrata* miRNA and piRNA pathway genes. The studies involving small RNA pathway genes were previously performed in the *S. mansoni* and some genes displayed differential expression during



schistosomula development [52, 53], but, for that time none of the genes was characterized in the vector.

As showed in S1 Fig, all the tested genes were expressed in *B. glabrata*. However, only Bgl-Argonaute, Bgl-Piwi, Bgl-Drosha, Bgl-Tudor and Bgl-Exportin-5 genes were tested because they were the only ones to meet the requirements for real-time PCR, including amplification efficiency [62]. The gene expression profile at different time points in the snail life cycle (5, 10, 20 and 40 days of snail development time) showed strong variation among the samples, suggesting important roles for the small RNA pathway genes at several points in the life cycle of *B. glabrata*.

Bgl-Argonaute was significantly up-regulated at 20 days of development compared with 5 days (Fig 6A). This indicates that a larger demand for miRNAs occurs during the sexual maturation process. A similar profile was observed for Bgl-Drosha (Fig 6C), but at the same time, Bgl-Exportin-5 (Fig 6D) was strong down-regulated. Exportin-5 is responsible for exporting the pre-miRNA from nucleus to the cytoplasm [14, 15] and up-regulation of Bgl-Drosha and Bgl-Argonaute was expected to correlate with Bgl-Exportin-5 up-regulation. Taken together, these data suggests that in *B. glabrata* the expression of miRNAs processing pathway genes probably is not synchronized. Bgl-Argonaute and Bgl-Drosha (Fig 6A and 6C) were up-regulated at 10 and 20 days, showing relation to snail sexual maturation, since oviposition begins at 20 days. The role of Argonaute in gene silencing has been already shown as important for animals development [68, 81, 82] and, Drosha activity is essential for the animal survival [83], but only Argonaute gene was significantly up-regulated at day 20 compared to day 5.

Previous findings has already evidenced that PIWI protein is associated with reproduction and is mainly presents in germ line cells, acting in the control of transposons [41, 84–88]. Our results are consistent with those findings, since we showed that Bgl-Piwi was up-regulated at 40 days of development (Fig 6B), the period of the highest egg production in the snails studied. In contrast, Tudor, which is closely related to Piwi and involved in the primary processing of piRNAs and repression of transposons [44, 89–92], was down-regulated in *B. glabrata* at all times analysed, suggesting the intriguing possibility that this gene might participate in the piRNA pathway of *B. glabrata*. However, Tudor is related to the control of gene transcription by epigenetic processes [44, 89]. Perhaps the consistent down-regulated profile is related to the need to maintain the expression of important genes for snail development, or it may be related to the regulation of both miRNA and piRNA pathways [32].

Bgl-Piwi (Fig 6B) was significantly down-regulated at 5 days compared to 10 and 40 days, showing the importance of this gene in adult stages of snails. This time point has special importance, because there is a large production of eggs, and Piwi is strongly associated with reproductive periods in animals [86]. Bgl-Exportin-5 (Fig 6D) was up-regulated at 10 and 40 days, representing juvenile and adult stages respectively and, thus reinforcing the idea that miRNAs are very important at all the stages of development, considering that Exportin-5 is crucial for their production [32]. At all times, Bgl-Tudor showed the same profile, except at 10 days, when it was strongly down-regulated. Tudor is important for processing miRNAs [44] and mainly piRNAs, and this expression pattern reflects the important role of Bgl-Tudor in the snail.

After confirming that the small RNA pathway is important for snail development, we also evaluated the influence of infection of *B. glabrata* by *S. mansoni* on gene expression of miRNA and piRNA pathway genes. Regarding to this, we observed that at 4 hours after infection, all the genes showed a resilient subexpression (Fig 7). At this specific time point, the miracidia, ciliated larval stage of *S. mansoni*, have already transitioned into primary sporocysts, still retained near the penetration site [72, 73] and their presence may interfere with the gene expression of small RNAs machinery. It was already known that the moment of parasite penetration in the snail is marked by considerable damage to the snail tissues and also by intense

morphological and functional modifications of the parasite to survive in the hostile environment [74], regulation of small RNA pathway genes is probably one of the main mechanisms orchestrating this relationship.

Our results showed a highly variable profile of expression between 12 hours and 7 days after infection for all genes. These findings reinforced the idea that the establishment of infection is highly traumatic to the snail, and it can even lead it to death [71, 72]. In this period, *S. mansoni* develops several strategies to scape the immune system of the snail, including mimicking membrane molecules of the snail [93, 94]. The actions of the parasite probably greatly influence the expression of the machinery of small RNA genes, favoring the infection process.

A new, important event was observed at 15 and 21 days after infection for all the genes, which is probably due to the immune system of the snail responding to *S. mansoni* transitioning from primary sporocysts to secondary sporocysts [73, 74, 95]. During this period, intense transformation and migration of sporocysts to the digestive gland occurs [72, 95], and miRNA machinery genes were down-regulated at 15 days and up-regulated at 21 days. On the other hand, the piRNA machinery genes Bgl-Piwi and Bgl-Tudor were down-regulated, suggesting that the under-expression of piRNAs favors the susceptibility of *B. glabrata* by *S. mansoni*.

Another important point was the fact that the Bgl-Argonaute, Bgl-Drosha and Bgl-Exportin-5 genes, which are associated with miRNA machinery, showed strong subexpression at 30 days after infection, whereas Bgl-Piwi and Bgl-Tudor genes, which are associated with the piRNA machinery, had only slightly down-regulated profile. Previous studies have shown the absence of piRNAs in *S. mansoni* [52, 53]. Therefore, it is possible that there is a relationship between the susceptibility of *B. glabrata* to infection by *S. mansoni* and the piRNAs machinery.

These results strongly suggested important roles for small RNAs in the *S. mansoni* infection process, directly affecting the relationship susceptibility/resistance of *B. glabrata* to *S. mansoni*. The role of miRNAs in different infection processes has been widely studied and showed to promote or inhibit the infection [96–98]. Our results suggested that genes of the miRNA and piRNA machinery, when down-regulated, favors susceptibility of *B. glabrata* to infection by *S. mansoni*, and probably some small RNAs are closely involved with susceptibility/resistance during this process. However, more additional studies need to be made to understand better this relationship.

## Conclusion

Our data showed that the silencing pathways mediated by miRNAs and piRNAs are present in *B. glabrata* and, is able to interfere in snail biology throughout its life cycle, by interfering in the *B. glabrata*/*S. mansoni* interaction process. Complementary studies are already being conducted by our research group aiming to confirm the participation of the predicted proteins of the miRNA and piRNA pathway in the parasite/host relationship. Our particular interest on this subject is reinforced by the fact of *S. mansoni* does not express piRNAs, and further the genes involved in the piRNAs biogenesis are present in *B. glabrata*, but they show significantly down-regulation at crucial moments of infection, such as wile worm transformation to sporocysts stage as well as its migration through the snail body of sporocysts.

## Supporting information

**S1 Fig. Agarose gel 2% for evaluation the PCR products of primers the machinery the miRNAs and piRNAs in *B. glabrata*.** A: 1- Molecular weight marker, 2- Argonaute, 3- Dicer, 4- Drosha, 5- FMR, 6- Loquacious, 7- TDRD, 8- molecular weight marker. B: 1- Molecular weight marker, 2- Piwi, 3- Tudor, 4- SPN, 5- Exportin-5, 6- Myoglobin, 7- Molecular weight marker. (TIF)

**S1 Table. *B. glabrata* miRNA and piRNA pathway proteins retrieved from Vectorbase and their best hit orthologues from NCBI.**

(DOCX)

**S2 Table. Primers of the processing machinery of miRNAs and piRNAs in *B. glabrata*.**

(DOCX)

**S3 Table. Similarity between Bgl-Argonaute and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

(DOCX)

**S4 Table. Similarity between Bgl-Piwi and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

(DOCX)

**S5 Table. Similarity between Bgl-Drosha and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

(DOCX)

**S6 Table. Similarity between Bgl-Dicer and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

(DOCX)

**S7 Table. Sanger sequences of amplicons analysed by CAP3.**

(DOCX)

## Acknowledgments

To Liana Konovaloff Jannotti Passos and the staff of the Lobato Paraense snail room for provision of snails and LE strain of *S. mansoni*. To Letícia da Conceição Braga for help in gene expression analysis. Also to the facility on real-time PCR and Sequencing of Rene Rachou Research Center, too the post-graduation program in health sciences of Rene Rachou Research Center/Fiocruz Minas. To CNPq (PQ 304121/2014-2).

## Author Contributions

**Conceptualization:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Data curation:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Matheus de Souza Gomes.

**Formal analysis:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Funding acquisition:** Luciana Maria Silva, Matheus de Souza Gomes.

**Investigation:** Fábio Ribeiro Queiroz, Wander de Jesus Jeremias, Matheus de Souza Gomes.

**Methodology:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Project administration:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Resources:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Software:** Fábio Ribeiro Queiroz, Wander de Jesus Jeremias, Matheus de Souza Gomes.

**Supervision:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Validation:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Visualization:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Writing – original draft:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

**Writing – review & editing:** Fábio Ribeiro Queiroz, Luciana Maria Silva, Wander de Jesus Jeremias, Élio Hideo Babá, Roberta Lima Caldeira, Paulo Marcos Zech Coelho, Matheus de Souza Gomes.

## References

1. Ha M, Kim VN. Regulation of microRNA biogenesis. *Nature reviews Molecular cell biology*. 2014; 15(8):509–24. <https://doi.org/10.1038/nrm3838> PMID: 25027649.
2. Kim VN. Small RNAs: classification, biogenesis, and function. *Mol Cells*. 2005; 19(1):1–15. PMID: 15750334.
3. Ameres SL, Zamore PD. Diversifying microRNA sequence and function. *Nature reviews Molecular cell biology*. 2013; 14(8):475–88. <https://doi.org/10.1038/nrm3611> PMID: 23800994.
4. Hale BJ, Yang CX, Ross JW. Small RNA regulation of reproductive function. *Molecular reproduction and development*. 2014; 81(2):148–59. <https://doi.org/10.1002/mrd.22272> PMID: 24167089.
5. Liu J, Luo M, Sheng Y, Hong Q, Cheng H, Zhou R. Dynamic evolution and biogenesis of small RNAs during sex reversal. *Scientific reports*. 2015; 5:9999. <https://doi.org/10.1038/srep09999> PMID: 25944477;
6. Hesse M, Arenz C. MicroRNA maturation and human disease. *Methods in molecular biology*. 2014; 1095:11–25. [https://doi.org/10.1007/978-1-62703-703-7\\_2](https://doi.org/10.1007/978-1-62703-703-7_2) PMID: 24166300.
7. Di Leva G, Croce CM. Roles of small RNAs in tumor formation. *Trends in molecular medicine*. 2010; 16(6):257–67. <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2010.04.001> PMID: 20493775;
8. Mendell JT, Olson EN. MicroRNAs in stress signaling and human disease. *Cell*. 2012; 148(6):1172–87. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.02.005> PMID: 22424228;
9. Zhang P, Kang JY, Gou LT, Wang J, Xue Y, Skogerboe G, et al. MIWI and piRNA-mediated cleavage of messenger RNAs in mouse testes. *Cell research*. 2015; 25(2):193–207. <https://doi.org/10.1038/cr.2015.4> PMID: 25582079.
10. Girard A, Sachidanandam R, Hannon GJ, Carmell MA. A germline-specific class of small RNAs binds mammalian Piwi proteins. *Nature*. 2006; 442(7099):199–202. <https://doi.org/10.1038/nature04917> PMID: 16751776.
11. Malone CD, Brennecke J, Dus M, Stark A, McCombie WR, Sachidanandam R, et al. Specialized piRNA pathways act in germline and somatic tissues of the *Drosophila* ovary. *Cell*. 2009; 137(3):522–35. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.03.040> PMID: 19395010;
12. Lee Y, Ahn C, Han J, Choi H, Kim J, Yim J, et al. The nuclear RNase III Drosha initiates microRNA processing. *Nature*. 2003; 425(6956):415–9. <https://doi.org/10.1038/nature01957> PMID: 14508493.
13. Han J, Lee Y, Yeom KH, Kim YK, Jin H, Kim VN. The Drosha-DGCR8 complex in primary microRNA processing. *Genes & development*. 2004; 18(24):3016–27. <https://doi.org/10.1101/gad.1262504> PMID: 15574589;
14. Yi R, Qin Y, Macara IG, Cullen BR. Exportin-5 mediates the nuclear export of pre-microRNAs and short hairpin RNAs. *Genes & development*. 2003; 17(24):3011–6. <https://doi.org/10.1101/gad.1158803> PMID: 14681208;

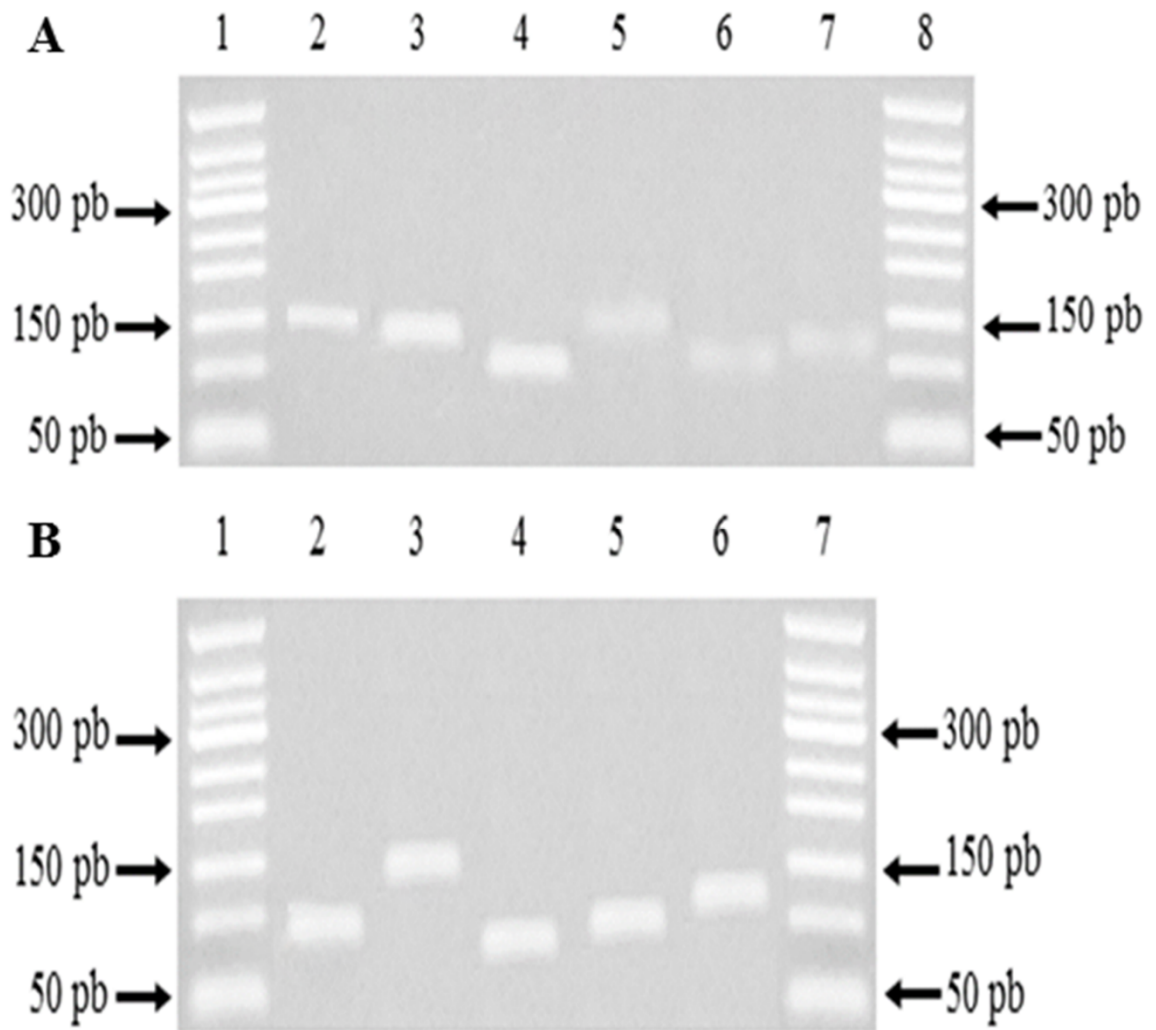
15. Lund E, Guttinger S, Calado A, Dahlberg JE, Kutay U. Nuclear export of microRNA precursors. *Science*. 2004; 303(5654):95–8. <https://doi.org/10.1126/science.1090599> PMID: 14631048.
16. Bohnsack MT, Czaplinski K, Gorlich D. Exportin 5 is a RanGTP-dependent dsRNA-binding protein that mediates nuclear export of pre-miRNAs. *Rna*. 2004; 10(2):185–91. <https://doi.org/10.1261/rna.5167604> PMID: 14730017;
17. Ketting RF, Fischer SE, Bernstein E, Sijen T, Hannon GJ, Plasterk RH. Dicer functions in RNA interference and in synthesis of small RNA involved in developmental timing in *C. elegans*. *Genes & development*. 2001; 15(20):2654–9. <https://doi.org/10.1101/gad.927801> PMID: 11641272;
18. Knight SW, Bass BL. A role for the RNase III enzyme DCR-1 in RNA interference and germ line development in *Caenorhabditis elegans*. *Science*. 2001; 293(5538):2269–71. <https://doi.org/10.1126/science.1062039> PMID: 11486053;
19. Forstemann K, Tomari Y, Du T, Vagin VV, Denli AM, Bratu DP, et al. Normal microRNA maturation and germ-line stem cell maintenance requires Loquacious, a double-stranded RNA-binding domain protein. *PLoS biology*. 2005; 3(7):e236. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030236> PMID: 15918770;
20. Jiang F, Ye X, Liu X, Fincher L, McKearin D, Liu Q. Dicer-1 and R3D1-L catalyze microRNA maturation in *Drosophila*. *Genes & development*. 2005; 19(14):1674–9. <https://doi.org/10.1101/gad.1334005> PMID: 15985611;
21. Saito K, Ishizuka A, Siomi H, Siomi MC. Processing of pre-microRNAs by the Dicer-1-Loquacious complex in *Drosophila* cells. *PLoS biology*. 2005; 3(7):e235. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030235> PMID: 15918769;
22. Hammond SM, Boettcher S, Caudy AA, Kobayashi R, Hannon GJ. Argonaute2, a link between genetic and biochemical analyses of RNAi. *Science*. 2001; 293(5532):1146–50. <https://doi.org/10.1126/science.1064023> PMID: 11498593.
23. Miyoshi K, Tsukumo H, Nagami T, Siomi H, Siomi MC. Slicer function of *Drosophila* Argonautes and its involvement in RISC formation. *Genes & development*. 2005; 19(23):2837–48. <https://doi.org/10.1101/gad.1370605> PMID: 16287716;
24. Ender C, Meister G. Argonaute proteins at a glance. *J Cell Sci*. 2010; 123(Pt 11):1819–23. <https://doi.org/10.1242/jcs.055210> PMID: 20484662.
25. Khvorova A, Reynolds A, Jayasena SD. Functional siRNAs and miRNAs exhibit strand bias. *Cell*. 2003; 115(2):209–16. PMID: 14567918.
26. Kawamata T, Seitz H, Tomari Y. Structural determinants of miRNAs for RISC loading and slicer-independent unwinding. *Nature structural & molecular biology*. 2009; 16(9):953–60. <https://doi.org/10.1038/nsmb.1630> PMID: 19684602.
27. Ghildiyal M, Xu J, Seitz H, Weng Z, Zamore PD. Sorting of *Drosophila* small silencing RNAs partitions microRNA\* strands into the RNA interference pathway. *Rna*. 2010; 16(1):43–56. <https://doi.org/10.1261/rna.1972910> PMID: 19917635;
28. Okamura K, Liu N, Lai EC. Distinct mechanisms for microRNA strand selection by *Drosophila* Argonautes. *Molecular cell*. 2009; 36(3):431–44. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2009.09.027> PMID: 19917251;
29. Jannot G, Boisvert ME, Banville IH, Simard MJ. Two molecular features contribute to the Argonaute specificity for the microRNA and RNAi pathways in *C. elegans*. *Rna*. 2008; 14(5):829–35. <https://doi.org/10.1261/rna.901908> PMID: 18367718;
30. Azuma-Mukai A, Oguri H, Mituyama T, Qian ZR, Asai K, Siomi H, et al. Characterization of endogenous human Argonautes and their miRNA partners in RNA silencing. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008; 105(23):7964–9. <https://doi.org/10.1073/pnas.0800334105> PMID: 18524951;
31. Dueck A, Ziegler C, Eichner A, Berezikov E, Meister G. microRNAs associated with the different human Argonaute proteins. *Nucleic acids research*. 2012; 40(19):9850–62. <https://doi.org/10.1093/nar/gks705> PMID: 22844086;
32. Caudy AA, Ketting RF, Hammond SM, Denli AM, Bathoorn AM, Tops BB, et al. A micrococcal nuclease homologue in RNAi effector complexes. *Nature*. 2003; 425(6956):411–4. <https://doi.org/10.1038/nature01956> PMID: 14508492.
33. Bartel DP. MicroRNAs: target recognition and regulatory functions. *Cell*. 2009; 136(2):215–33. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.01.002> PMID: 19167326;
34. Brodersen P, Voinnet O. Revisiting the principles of microRNA target recognition and mode of action. *Nature reviews Molecular cell biology*. 2009; 10(2):141–8. <https://doi.org/10.1038/nrm2619> PMID: 19145236.
35. Brennecke J, Stark A, Russell RB, Cohen SM. Principles of microRNA-target recognition. *PLoS biology*. 2005; 3(3):e85. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030085> PMID: 15723116;

36. Valencia-Sanchez MA, Liu J, Hannon GJ, Parker R. Control of translation and mRNA degradation by miRNAs and siRNAs. *Genes & development*. 2006; 20(5):515–24. <https://doi.org/10.1101/gad.1399806> PMID: 16510870.
37. Costa MC, Leitao AL, Enguita FJ. Biogenesis and mechanism of action of small non-coding RNAs: insights from the point of view of structural biology. *International journal of molecular sciences*. 2012; 13(8):10268–95. <https://doi.org/10.3390/ijms130810268> PMID: 22949860;
38. Siomi MC, Sato K, Pezic D, Aravin AA. PIWI-interacting small RNAs: the vanguard of genome defence. *Nature reviews Molecular cell biology*. 2011; 12(4):246–58. <https://doi.org/10.1038/nrm3089> PMID: 21427766.
39. Iwasaki YW, Siomi MC, Siomi H. PIWI-Interacting RNA: Its Biogenesis and Functions. *Annual review of biochemistry*. 2015; 84:405–33. <https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-060614-034258> PMID: 25747396.
40. Rouget C, Papin C, Boureux A, Meunier AC, Franco B, Robine N, et al. Maternal mRNA deadenylation and decay by the piRNA pathway in the early *Drosophila* embryo. *Nature*. 2010; 467(7319):1128–32. <https://doi.org/10.1038/nature09465> PMID: 20953170;
41. Brennecke J, Aravin AA, Stark A, Dus M, Kellis M, Sachidanandam R, et al. Discrete small RNA-generating loci as master regulators of transposon activity in *Drosophila*. *Cell*. 2007; 128(6):1089–103. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2007.01.043> PMID: 17346786.
42. Gunawardane LS, Saito K, Nishida KM, Miyoshi K, Kawamura Y, Nagami T, et al. A slicer-mediated mechanism for repeat-associated siRNA 5' end formation in *Drosophila*. *Science*. 2007; 315(5818):1587–90. <https://doi.org/10.1126/science.1140494> PMID: 17322028.
43. Vagin VV, Wohlschlegel J, Qu J, Jonsson Z, Huang X, Chuma S, et al. Proteomic analysis of murine Piwi proteins reveals a role for arginine methylation in specifying interaction with Tudor family members. *Genes & development*. 2009; 23(15):1749–62. <https://doi.org/10.1101/gad.1814809> PMID: 19584108;
44. Chen C, Jin J, James DA, Adams-Cioaba MA, Park JG, Guo Y, et al. Mouse Piwi interactome identifies binding mechanism of Tdrkh Tudor domain to arginine methylated Miwi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2009; 106(48):20336–41. <https://doi.org/10.1073/pnas.0911640106> PMID: 19918066;
45. Reuter M, Chuma S, Tanaka T, Franz T, Stark A, Pillai RS. Loss of the Mili-interacting Tudor domain-containing protein-1 activates transposons and alters the Mili-associated small RNA profile. *Nature structural & molecular biology*. 2009; 16(6):639–46. <https://doi.org/10.1038/nsmb.1615> PMID: 19465913.
46. Adema CM, Hillier LW, Jones CS, Loker ES, Knight M, Minx P, et al. Whole genome analysis of a schistosomiasis-transmitting freshwater snail. *Nat Commun*. 2017; 8:15451. <https://doi.org/10.1038/ncomms15451> PMID: 28508897.
47. Lockyer AE, Spinks J, Kane RA, Hoffmann KF, Fitzpatrick JM, Rollinson D, et al. *Biomphalaria glabrata* transcriptome: cDNA microarray profiling identifies resistant- and susceptible-specific gene expression in haemocytes from snail strains exposed to *Schistosoma mansoni*. *BMC genomics*. 2008; 9:634. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-634> PMID: 19114004;
48. Adema CM, Luo MZ, Hanelt B, Hertel LA, Marshall JJ, Zhang SM, et al. A bacterial artificial chromosome library for *Biomphalaria glabrata*, intermediate snail host of *Schistosoma mansoni*. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*. 2006; 101 Suppl 1:167–77. PMID: 17308766.
49. Paraense WL. The schistosome vectors in the Americas. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*. 2001; 96 Suppl:7–16. PMID: 11586421.
50. Coelho PM, Rosa FM, Maciel E, Negrao-Correa DA, Carvalho OS, Caldeira RL, et al. Transmission control of schistosomiasis mansoni by introduction of a resistant strain of *Biomphalaria tenagophila* in areas where transmission is maintained by this species. *Acta tropica*. 2008; 108(2–3):245–8. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2008.05.028> PMID: 18598664.
51. Caldeira RL, Jannotti-Passos LK, Carvalho OS. Molecular epidemiology of Brazilian *Biomphalaria*: a review of the identification of species and the detection of infected snails. *Acta tropica*. 2009; 111(1):1–6. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.02.004> PMID: 19426656.
52. Gomes MS, Cabral FJ, Jannotti-Passos LK, Carvalho O, Rodrigues V, Baba EH, et al. Preliminary analysis of miRNA pathway in *Schistosoma mansoni*. *Parasitology international*. 2009; 58(1):61–8. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2008.10.002> PMID: 19007911.
53. de Souza Gomes M, Muniyappa MK, Carvalho SG, Guerra-Sa R, Spillane C. Genome-wide identification of novel microRNAs and their target genes in the human parasite *Schistosoma mansoni*. *Genomics*. 2011; 98(2):96–111. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2011.05.007> PMID: 21640815.
54. Simoes MC, Lee J, Djikeng A, Cerqueira GC, Zerlotini A, da Silva-Pereira RA, et al. Identification of *Schistosoma mansoni* microRNAs. *BMC genomics*. 2011; 12:47. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-47> PMID: 21247453;

55. Knight M, Miller A, Liu Y, Scaria P, Woodle M, Ittiprasert W. Polyethyleneimine (PEI) mediated siRNA gene silencing in the *Schistosoma mansoni* snail host, *Biomphalaria glabrata*. *PLoS Negl Trop Dis*. 2011; 5(7):e1212. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001212> PMID: 21765961;
56. Hanington PC, Fors MA, Loker ES. A somatically diversified defense factor, FREP3, is a determinant of snail resistance to schistosome infection. *PLoS Negl Trop Dis*. 2012; 6(3):e1591. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001591> PMID: 22479663;
57. Thompson JD, Gibson TJ, Higgins DG. Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Current protocols in bioinformatics / editorial board, Andreas D Baxevanis [et al]. 2002;Chapter 2:Unit 2.3.*
58. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular biology and evolution*. 2011; 28(10):2731–9. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr121> PMID: 21546353;
59. Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*. 1987; 4(4):406–25. PMID: 3447015.
60. Jones DT, Taylor WR, Thornton JM. The rapid generation of mutation data matrices from protein sequences. *Computer applications in the biosciences: CABIOS*. 1992; 8(3):275–82. PMID: 1633570.
61. Felsenstein J. Confidence-Limits on Phylogenies—an Approach Using the Bootstrap. *Evolution*. 1985; 39(4):783–91. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x> PMID: 28561359
62. Bustin SA, Benes V, Garson JA, Hellemans J, Huggett J, Kubista M, et al. The MIQE guidelines: minimum information for publication of quantitative real-time PCR experiments. *Clinical chemistry*. 2009; 55(4):611–22. <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797> PMID: 19246619.
63. Livak KJ, Schmittgen TD. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2<sup>(-T)</sup>(-Delta Delta C) method. *Methods*. 2001; 25(4):402–8. <https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262> PMID: 11846609
64. Sanger F, Coulson AR. A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. *Journal of molecular biology*. 1975; 94(3):441–8. PMID: 1100841.
65. Sanger F, Nicklen S, Coulson AR. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 1977; 74(12):5463–7. PMID: 271968;
66. Huang X, Madan A. CAP3: A DNA sequence assembly program. *Genome research*. 1999; 9(9):868–77. PMID: 10508846;
67. Song JJ, Smith SK, Hannon GJ, Joshua-Tor L. Crystal structure of Argonaute and its implications for RISC slicer activity. *Science*. 2004; 305(5689):1434–7. <https://doi.org/10.1126/science.1102514> PMID: 15284453.
68. Liu J, Carmell MA, Rivas FV, Marsden CG, Thomson JM, Song JJ, et al. Argonaute2 is the catalytic engine of mammalian RNAi. *Science*. 2004; 305(5689):1437–41. <https://doi.org/10.1126/science.1102513> PMID: 15284456.
69. Zhang H, Kolb FA, Jaskiewicz L, Westhof E, Filipowicz W. Single processing center models for human Dicer and bacterial RNase III. *Cell*. 2004; 118(1):57–68. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2004.06.017> PMID: 15242644.
70. Pimentel D. Life History of *Australorbis Glabratus*, The Intermediate Snail Host of *Schistosoma Mansoni* in Puerto Rico. *Ecology*. 1957; 38(4):576–80. <https://doi.org/10.2307/1943122>
71. Pan CT. Generalized and Focal Tissue Responses in the Snail, *Australorbis Glabratus*, Infected with *Schistosoma Mansoni*. *Ann N Y Acad Sci*. 1963; 113:475–85. PMID: 14088711.
72. Pan CT. Studies on the host-parasite relationship between *Schistosoma mansoni* and the snail *Australorbis glabratus*. *Am J Trop Med Hyg*. 1965; 14(6):931–76. PMID: 5840648.
73. Negrao-Correa D, Mattos AC, Pereira CA, Martins-Souza RL, Coelho PM. Interaction of *Schistosoma mansoni* Sporocysts and Hemocytes of *Biomphalaria*. *Journal of parasitology research*. 2012; 2012:743920. <https://doi.org/10.1155/2012/743920> PMID: 22811885;
74. de Mattos ACA, Martins-Souza RL, Kusel JR, Coelho PMZ. Interaction between primary and secondary sporocysts of *Schistosoma mansoni* and the internal defence system of *Biomphalaria* resistant and susceptible to the parasite. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*. 2011; 106(4):424–32. PMID: 21739029
75. Parker JS, Roe SM, Barford D. Structural insights into mRNA recognition from a PIWI domain-siRNA guide complex. *Nature*. 2005; 434(7033):663–6. <https://doi.org/10.1038/nature03462> PMID: 15800628;
76. Wang Y, Sheng G, Juranek S, Tuschl T, Patel DJ. Structure of the guide-strand-containing argonaute silencing complex. *Nature*. 2008; 456(7219):209–13. <https://doi.org/10.1038/nature07315> PMID: 18754009;
77. Nam S, Ryu H, Son WJ, Kim YH, Kim KT, Balch C, et al. Mg<sup>2+</sup> effect on argonaute and RNA duplex by molecular dynamics and bioinformatics implications. *PLoS one*. 2014; 9(10):e109745. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109745> PMID: 25330448;

78. Schwarz DS, Tomari Y, Zamore PD. The RNA-induced silencing complex is a Mg<sup>2+</sup>-dependent endonuclease. *Current biology*. CB. 2004; 14(9):787–91. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2004.03.008> PMID: 15120070.
79. Blaszczyk J, Tropea JE, Bubunenko M, Routzahn KM, Waugh DS, Court DL, et al. Crystallographic and modeling studies of RNase III suggest a mechanism for double-stranded RNA cleavage. *Structure*. 2001; 9(12):1225–36. PMID: 11738048.
80. Gregory RI, Yan KP, Amuthan G, Chendrimada T, Doratotaj B, Cooch N, et al. The Microprocessor complex mediates the genesis of microRNAs. *Nature*. 2004; 432(7014):235–40. <https://doi.org/10.1038/nature03120> PMID: 15531877.
81. Su H, Trombly MI, Chen J, Wang X. Essential and overlapping functions for mammalian Argonautes in microRNA silencing. *Genes & development*. 2009; 23(3):304–17. <https://doi.org/10.1101/gad.1749809> PMID: 19174539;
82. Carmell MA, Xuan Z, Zhang MQ, Hannon GJ. The Argonaute family: tentacles that reach into RNAi, developmental control, stem cell maintenance, and tumorigenesis. *Genes & development*. 2002; 16(21):2733–42. <https://doi.org/10.1101/gad.1026102> PMID: 12414724.
83. Chong MM, Zhang G, Cheloufi S, Neubert TA, Hannon GJ, Littman DR. Canonical and alternate functions of the microRNA biogenesis machinery. *Genes & development*. 2010; 24(17):1951–60. <https://doi.org/10.1101/gad.1953310> PMID: 20713509;
84. Aravin A, Gaidatzis D, Pfeffer S, Lagos-Quintana M, Landgraf P, Iovino N, et al. A novel class of small RNAs bind to MILI protein in mouse testes. *Nature*. 2006; 442(7099):203–7. <https://doi.org/10.1038/nature04916> PMID: 16751777.
85. Aravin AA, Sachidanandam R, Bourc'his D, Schaefer C, Pezic D, Toth KF, et al. A piRNA pathway primed by individual transposons is linked to de novo DNA methylation in mice. *Molecular cell*. 2008; 31(6):785–99. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2008.09.003> PMID: 18922463;
86. Carmell MA, Girard A, van de Kant HJ, Bourc'his D, Bestor TH, de Rooij DG, et al. MIWI2 is essential for spermatogenesis and repression of transposons in the mouse male germline. *Dev Cell*. 2007; 12(4):503–14. <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2007.03.001> PMID: 17395546.
87. Brennecke J, Malone CD, Aravin AA, Sachidanandam R, Stark A, Hannon GJ. An epigenetic role for maternally inherited piRNAs in transposon silencing. *Science*. 2008; 322(5906):1387–92. <https://doi.org/10.1126/science.1165171> PMID: 19039138;
88. Boswell RE, Mahowald AP. tudor, a gene required for assembly of the germ plasm in *Drosophila melanogaster*. *Cell*. 1985; 43(1):97–104. PMID: 3935320.
89. Liu H, Wang JY, Huang Y, Li Z, Gong W, Lehmann R, et al. Structural basis for methylarginine-dependent recognition of Aubergine by Tudor. *Genes & development*. 2010; 24(17):1876–81. <https://doi.org/10.1101/gad.1956010> PMID: 20713507;
90. Liu K, Chen C, Guo Y, Lam R, Bian C, Xu C, et al. Structural basis for recognition of arginine methylated Piwi proteins by the extended Tudor domain. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2010; 107(43):18398–403. <https://doi.org/10.1073/pnas.1013106107> PMID: 20937909;
91. Saito K, Siomi MC. Small RNA-mediated quiescence of transposable elements in animals. *Dev Cell*. 2010; 19(5):687–97. <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2010.10.011> PMID: 21074719.
92. Olivieri D, Sykora MM, Sachidanandam R, Mechtler K, Brennecke J. An in vivo RNAi assay identifies major genetic and cellular requirements for primary piRNA biogenesis in *Drosophila*. *EMBO J*. 2010; 29(19):3301–17. <https://doi.org/10.1038/emboj.2010.212> PMID: 20818334;
93. Yoshino TP, Bayne CJ. Mimicry of snail host antigens by miracidia and primary sporocysts of *Schistosoma mansoni*. *Parasite Immunol*. 1983; 5(3):317–28. PMID: 6191268.
94. Salzet M, Capron A, Stefano GB. Molecular crosstalk in host-parasite relationships: schistosome- and leech-host interactions. *Parasitol Today*. 2000; 16(12):536–40. PMID: 11121852.
95. Maldonado JF, Acosta Matienzo J. The development of *Schistosoma mansoni* in the snail intermediate host, *Australorbis glabratus*. *The Puerto Rico journal of public health and tropical medicine*. 1947; 22(4):331–73, Spanish transl, 74–404. PMID: 20264246.
96. Flor TB, Blom B. Pathogens Use and Abuse MicroRNAs to Deceive the Immune System. *International journal of molecular sciences*. 2016; 17(4). <https://doi.org/10.3390/ijms17040538> PMID: 27070595.
97. Singh RP, Massachi I, Manickavel S, Singh S, Rao NP, Hasan S, et al. The role of miRNA in inflammation and autoimmunity. *Autoimmunity reviews*. 2013; 12(12):1160–5. <https://doi.org/10.1016/j.autrev.2013.07.003> PMID: 23860189.
98. Liu G, Abraham E. MicroRNAs in immune response and macrophage polarization. *Arteriosclerosis, thrombosis, and vascular biology*. 2013; 33(2):170–7. <https://doi.org/10.1161/ATVBAHA.112.300068> PMID: 23325473;





**S1 Fig. Agarose gel 2% for evaluation the PCR products of *primers* the machinery the miRNAs and piRNAs in *B. glabrata*.**

**A:** 1- Molecular weight marker, 2- Argonaute, 3- Dicer, 4- Drosha, 5- FMR, 6- Loquacious, 7- TDRD, 8- molecular weight marker. **B:** 1- Molecular weight marker, 2- Piwi, 3- Tudor, 4- SPN, 5- Exportin-5, 6- Myoglobin, 7- Molecular weight marker.

**S1 Table. *B. glabrata* miRNA and piRNA pathway proteins retrieved from Vectorbase and their best hit orthologues from NCBI.**

Gene	Protein ID	length (aa)	Orthologs Blastp NCBI	E-value
<b>Bgl-Argonaute</b>	BGLB002396-PA	855	NP_725341.1	0
<b>Bgl-Dicer</b>	BGLB002125-PA	2165	NP_524453.1	0
<b>Bgl-Drosha</b>	BGLB003167-PA	1128	NP_477436.1	0
<b>Bgl-Fmr1</b>	BGLB012977-PA	376	NP_731445.1	0
<b>Bgl-Loquacious</b>	BGLB009745-PA	319	NP_609646.1	8e-167
<b>Bgl-TDRD1</b>	BGLB002484-PA	3332	NP_476773.1	0
<b>Bgl-PIWI</b>	BGLB010170-PA	854	NP_001036627.2	0
<b>Bgl-Tudor</b>	BGLB005262-PA	864	NP_612021.1	0
<b>Bgl-SPN-E</b>	BGLB001557-PA	1424	NP_476741.1	0
<b>Bgl-Exportin-5</b>	BGLB008947-PA	437	NP_741567.1	0.0
<b>Bgl-Myoglobin</b>	BGLB010864-PA	150	NP_510079.2	4e-97

S2 Table. *Primers of the processing machinery of miRNAs and piRNAs in B. glabrata*

Gene	Sequences (5' to 3')	Product
<b>Bgl-Argonaute</b>	(F): TTAGCTACCCAGTGCCTCCAG (R): TTGGTTCTCGGAATACATGAGG	148 pb
<b>Bgl-Dicer</b>	(F): GTCAAGGCAGACTGTGGCTACC (R): CTTTGGAAGTGAATCCTGCTCG	136 pb
<b>Bgl-Drosha</b>	(F): CATTGCGTTTCCACATTTGTC (R): GCGGTAAGAAGTGTGAGTCAGG	105 pb
<b>Bgl-Fmr1</b>	(F): CATGGAAAGCATTAGCAACG (R): TCTCTAGGAGGCGGAAATAAG	156 pb
<b>Bgl-Loquacious</b>	(F): CAAGGTCCTCCACATGCCAG (R): TTTGCTGCGGCTGTTTCGTTTC	110 pb
<b>Bgl-TDRD1</b>	(F): GGTGTCAGGAGAGTGAATCGG (R): ACTTGGCAGCACAAATCATCC	126 pb
<b>Bgl-PIWI</b>	(F): TGCAACCTTTGATGACTGCTGC (R): CCCATCACCAACACCATCTCTG	98 pb
<b>Bgl-Tudor-SN</b>	(F): TGCCACTGCCACCACGATAC (R): AACACTTCCACCACAAGCCAC	152 pb
<b>Bgl-SPN-E</b>	(F): TGGCTAAGTCATCTTTGGTTGC (R): AACTGGCAGGTCTCTCAACATG	92 pb
<b>Bgl-Exportina 5</b>	(F): AGACAGGCGGCATTCATTG (R): TCCATGAAGTACTCGGGTGAAC	101 pb
<b>Bgl-Mioglobina</b>	(F): CAAGCTCGCCAAGTCTCACGTC (R): GCTTTGGGTTTCGTCACCTCCG	126 pb
<b>Bgl-Partner-Drosha</b>	(F): ACCCAGTCCCTTCCAACCTCTC (R): CCCACATTGATGGTGAACCTCAC	123 pb

**S3 Table. Similarity between Bgl-Argonaute and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

<b>Organism</b>	<b>Protein ID</b>	<b>E-value Blastp</b>	<b>Length (aa)</b>
<i>Biomphalaria glabrata</i>	BGLB002396-PA	N.A	855
<i>Aplysia californica</i>	XP_005107587.1	0.0	932
<i>Lottia gigantea</i>	XP_009064000.1	0.0	919
<i>Metaseiulus occidentalis</i>	XP_003747659.1	0.0	887
<i>Ceratitidis capitata</i>	XP_004529840.1	0.0	982
<i>Drosophila melanogaster</i>	NP_725341.1	0.0	984
<i>Apis dorsata</i>	XP_006622112.1	0.0	818
<i>Homo sapiens</i>	NP_036286.2	0.0	859
<i>Mus musculus</i>	NP_700451.2	0.0	860
<i>Crassostrea gigas</i>	EKC19600.1	0.0	1002
<i>Caenorhabditis elegans</i>	NP_001257239.1	0.0	1023
<i>Rattus norvegicus</i>	NP_067608.1	0.0	863
<i>Danio rerio</i>	NP_001289151.1	0.0	873
<i>Canis lupus familiaris</i>	XP_005629013.1	0.0	860
<i>Musca domestica</i>	XP_005175308.1	0.0	987
<i>Bombus terrestris</i>	XP_003400152.1	0.0	928
<i>Gallus gallus</i>	XP_004940123.1	0.0	863
<i>Bos taurus</i>	NP_991363.1	0.0	860
<i>Schistosoma japonicum</i>	Sjp_0044720.1	0.0	987
<i>Schistosoma mansoni</i>	Smp_198380.1	0.0	928

**S4 Table. Similarity between Bgl-Piwi and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

<b>Organism</b>	<b>Protein ID</b>	<b>E-value Blastp</b>	<b>Length (aa)</b>
<i>Biomphalaria glabrata</i>	BGLB010170-PA	N.A	854
<i>Aplysia californica</i>	XP_005096149.1	0.0	918
<i>Lottia gigantea</i>	XP_009064630.1	0.0	791
<i>Nematostella vectensis</i>	XP_001641994.1	0.0	871
<i>Hydra vulgaris</i>	NP_001274302.1	0.0	889
<i>Drosophila melanogaster</i>	NP_476875.1	2e-170	843
<i>Homo sapiens</i>	NP_004755.2	0.0	861
<i>Mus musculus</i>	NP_067286.1	0.0	862
<i>Crassostrea gigas</i>	EKC35279.1	0.0	885
<i>Danio rerio</i>	NP_899181.1	0.0	858
<i>Canis lupus familiaris</i>	XP_534638.2	0.0	861
<i>Rattus norvegicus</i>	XP_008764202.1	0.0	848
<i>Gallus gallus</i>	NP_001092322.1	0.0	867
<i>Bos taurus</i>	XP_618020.4	0.0	861
<i>Aedes aegypti</i>	XP_001652945.1	0.0	944
<i>Bombus terrestris</i>	XP_003400353.1	0.0	902
<i>Musca domestica</i>	XP_005183556.1	0.0	929

**S5 Table. Similarity between Bgl-Drosha and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

<b>Organism</b>	<b>Protein ID</b>	<b>E-value Blastp</b>	<b>Length (aa)</b>
<i>Biomphalaria glabrata</i>	BGLB003167-PA	N.A	1128
<i>Tribolium castaneum</i>	XP_008199088.1	0.0	1176
<i>Apis dorsata</i>	XP_006618766.1	0.0	1307
<i>Apis mellifera</i>	XP_006558454.1	0.0	1307
<i>Bombus terrestris</i>	XP_003394274.1	0.0	1306
<i>Drosophila melanogaster</i>	NP_477436.1	0.0	1327
<i>Homo sapiens</i>	XP_005248351.1	0.0	1306
<i>Mus musculus</i>	XP_006520084.1	0.0	1393
<i>Crassostrea gigas</i>	EKC20603.1	0.0	1354
<i>Caenorhabditis elegans</i>	NP_001122460.2	2e-87	1081
<i>Danio rerio</i>	NP_001103942.1	0.0	1289
<i>Rattus norvegicus</i>	NP_001101125.2	0.0	1373
<i>Canis lupus familiaris</i>	XP_854135.2	0.0	1373
<i>Bos taurus</i>	XP_591998.4	0.0	1330
<i>Musca domestica</i>	XP_005186977.1	0.0	1384
<i>Gallus gallus</i>	NP_001006379.1	0.0	1336
<i>Schistosoma mansoni</i>	Smp_142510.2	1.3e-124	1577
<i>Schistosoma japonicum</i>	Sjp_0048900.1	3.7e-135	1611

**S6 Table. Similarity between Bgl-Dicer and their orthologues of others organisms Protostome and Deuterostome.**

<b>Organism</b>	<b>Protein ID</b>	<b>E-value Blastp</b>	<b>Length (aa)</b>
<i>Biomphalaria glabrata</i>	BGLB002125-PA	N.A	2165
<i>Aplysia californica</i>	XP_005106232.1	0.0	2495
<i>Drosophila melanogaster</i>	NP_524453.1	0.0	2249
<i>Mus musculus</i>	NP_683750.2	0.0	1906
<i>Apis dorsata</i>	XP_006618601.1	3e-172	1954
<i>Ceratitis capitata</i>	XP_004523314.1	7e-142	2306
<i>Metaseiulus occidentalis</i>	XP_003745061.1	9e-141	1863
<i>Caenorhabditis elegans</i>	NP_498761.2	6e-111	1910
<i>Danio rerio</i>	NP_001154925.1	0.0	1865
<i>Canis lupus familiaris</i>	XP_868526.3	0.0	1924
<i>Rattus norvegicus</i>	XP_008774532.1	0.0	1918
<i>Bos taurus</i>	NP_976235.1	0.0	1923
<i>Musca domestica</i>	XP_005179924.1	4e-149	2385
<i>Schistosoma mansoni</i>	Smp_169750.2	2.5e-161	2541

S7 Table. Sanger Sequences of amplicons analysed by CAP3.

Gene	Strand	Sequence of Contigs (5' to 3')
<b>Bgl-Argonaute</b>	-	CCCGGCCTAGGGCATAGTATACTGTTGACTCCCCAAGCTTAACA TTGATCTTAAGGCAGAGATTGGAAAGAGTCTGTGGAGTGGTTTT GTTACATTCTTGGCCTGGACGCACTGGGTAGCTAAAACGG
<b>Bgl-Dicer</b>	+	GGACACGGGACAATAATGGAATCGCATAATGAATTAGAATAGA ATGGGACTTTGTGGACAAAGTAATTGATTTTATAAAAAATAGAG AAACGAGCAGGATTCAGTTCCAAAGAAGGATTTTAAAAGGT
<b>Bgl-Drosha</b>	-	GGCAATAAAGGGATTTCTATCACAACCTTGTAGTCTATGGAATTC TCTAGTACATCCAGACAAATGTGGAAACGCAAAGCTAAAAAGC C
<b>Bgl-Fmr1</b>	-	CGGGCAAATAAGGTTCACTTGGATCATCTCAAGGAAGTGGAAC AGTTGCGCCAAGCTAACTTGAAATTGACCAACAGCTTAAGTC ATTATCAGGGCCCCAGCCTGGCTCTTATTTCCCGCCTCCTAGAG AAGACCTGTGATATGAAATCTGGATGGGCGTCTTTCTGTTTTTTT TGTCAGCACTTCTTCTCTCCCATGAATCAGCCTATACTT
<b>Bgl-Loquacious</b>	+	GGGGGGTTTTTCCATCAGTTACCTTTTTGTCCAAACTTTCCCAA TTTGATGTTGCAGATGAATTCTCTGGCATGTGGAGGACCTGAGC CCGGTCTGGCGTCTAGATGATTAAGGGAGGGCCCA
<b>Bgl-TDRD1</b>	-	GGGCCAGTCTATCTATCAGCAGTATTATCCAGACTTCATATGAC TCAGGACATGAGGCCATTACACAACCTGTGTCCCAGGGATGATTT GTGCTGCCAAGTAATATCGGAATTTAAAAAGAAGGCTATCTCGT GACTAGGAGGGGGGAAATTCCTCATTTATTGCCCTCTTCAATCT TTTCTCAAACGATAACGTGGA
<b>Bgl-PIWI</b>	-	AATTCCTTTTTTGCGGGCAGTGCCTTGTTCACATCATGATATTC CTAAGTGCAGCAGTCATCAAAGGTTGCAATTGGAAAAAAGATG ATGTGAACAAGGCACTGCCGCAAAGATAATTCTTAAACAGAG GGGGTGTGGGGGGGA
<b>Bgl-Tudor-SN</b>	+	TTTTGGGCCTGTGTATCAGTCCAAGTGATGAGATGCTAAGCAAG ATGCTGTTGATGCTCTTTACAATGACATCCTGAACAAGACAATG CTGCTCAATATTGAGTATCGTGGTGGCAGTGGCAAGAGCATCA ACAGCATCTTGCTTAGCATCTTCATCACTTGGGACTGATACACA GGCAAGTGTATATTCAGTGGCTTGTGGTGGAAAGTGTACAGCAG ATGCTGTTGATGCTCTTTACAATGACATCCTGAACAAGACAATG CTGCTCAATATTGAGTATCGTGGTGGCAGTGGCAA
<b>Bgl-SPN-E</b>	+	GGGGGATTCTCTGGTGGCTTGGCACACAGAGTTGATAGAAGTT GGCATGTTGAGAGACCTGCCAGTAGATCGGGGGAGTTGGATAG TCAACAAAGAAAACCTTAGCAACCAAAGATGACTTAGCA
<b>Exportin 5</b>	-	GGGGAATTATTAATCTTCTGATGACCACAACCTCCTTGACCGGTG CAATAACTTCCTCAATGAATGCCGCCTGTCACCATGAGGGGCTC GAAGATTCTATAAGGCTTTGGTTCCTCAAAAAAAAAAAGGAAA TTTTTTCCAACAAATTACTCAT
<b>Myoglobin</b>	+	AAAAACGGACTCGAGTTCTTCGGACTCTGCACAGAACATTAC AGCTTCATTGAAAGTGCTCTTGGAGTCGGTGCCGGAAGTGACG AACCCAAAGCACTTCATGGGGTGGGACAGGACAGGTGGAGGGG GAAGGAGGATTGGGTCCGGTTTTTCGGGTGGAAGGGAGGGGTGG GTTGGCTTCGTCTTTCCCAAAAAAAAAACCTCCCCGCATAACACA AAAAAAAAAACACGACAACCTAACTCACTACTA





miRNA	Gene alvo anotado no NCBI	Ontologia gênica	Posição do gene no genoma depositado no Vectorbase	Energia miRanda	Energia RNAhybrid
bgl-bantam-3p	BGLB000613-PB: uncharacterized protein LOC106079178- partial [Bgl]	GO:0016021	LG12 Scaffold280:9565:28259:1 gene:BGLB000613	-18,53	-23,4
bgl-bantam-3p	BGLB000634-PB: serine/threonine-protein kinase OSR1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0005524 GO:0005622 GO:0006468 GO:0035556	LG13 Scaffold240:210337:219602:1 gene:BGLB000634	-21	-23,5
bgl-bantam-3p	BGLB000994-PB: receptor expression-enhancing protein 5-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG19i Scaffold43:804814:814014:1 gene:BGLB000994	-15	-20,5
bgl-bantam-3p	BGLB001083-PC: protein O-mannosyl-transferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:000030 GO:0006493 GO:0016020 GO:0016021	LG20 Scaffold297:185283:210137:1 gene:BGLB001083	-17	-22,3
bgl-bantam-3p	BGLB001385-PB: magnesium transporter NIPA2-like [Bgl]	GO:0015095 GO:0015693 GO:0016021	LG24 Scaffold487:112340:116056:1 gene:BGLB001385	-22	-27
bgl-bantam-3p	BGLB001762-PB: beta-hexosaminidase-like [Bgl]	GO:0004553 GO:0004563 GO:0005975 GO:0016021 GO:0030246 GO:0030247	LG29i Scaffold3740:1568:35609:1 gene:BGLB001762	-21	-24,6
bgl-bantam-3p	BGLB002201-PB: mitochondrial 2-oxoglutarate/malate carrier protein-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG35i Scaffold9:455583:463512:1 gene:BGLB002201	-25	-17,8
bgl-bantam-3p	BGLB002289-PB: sodium- and chloride-dependent glycine transporter 1-like [Bgl]	GO:0005328 GO:0006836 GO:0016021	LG3 Scaffold6337:25351:36528:1 gene:BGLB002289	-15	-18,5
bgl-bantam-3p	BGLB002480-PB: probable E3 ubiquitin-protein ligase HERC4 isoform X1 [Bgl]	GO:0004842	LG4 Scaffold1615:22505:38866:1 gene:BGLB002480	-20	-23,2
bgl-bantam-3p	BGLB002700-PB: cis-aconitate decarboxylase-like [Bgl]	GO:0016829	LG4 Scaffold628:103926:111574:1 gene:BGLB002700	-28	-20,5
bgl-bantam-3p	BGLB002728-PB: hippocampus abundant transcript 1 protein-like [Bgl]	GO:0005215 GO:0016021 GO:0055085	LG4 Scaffold70:171689:189161:1 gene:BGLB002728	-15	-21,6
bgl-bantam-3p	BGLB003483-PB: lanosterol 14-alpha demethylase-like [Bgl]	GO:0004497 GO:0005506 GO:0016705 GO:0020037 GO:0055114	LG8 Scaffold135:422563:432883:1 gene:BGLB003483	-17	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB004010-PB: 2-3-bisphosphoglycerate-dependent phosphoglycerate mutase-like [Bgl]	GO:0004619 GO:0006096 GO:0016868	Scaffold1066:41619:44892:1 gene:BGLB004010	-18	-22,3
bgl-bantam-3p	BGLB004087-PB: acid ceramidase-like [Bgl]	GO:0005764 GO:0006629	Scaffold108:398752:412352:1 gene:BGLB004087	-16	-20,5
bgl-bantam-3p	BGLB004663-PB: uncharacterized protein LOC106059678 isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	Scaffold1239:41652:74979:1 gene:BGLB004663	-16	-20,5
bgl-bantam-3p	BGLB004872-PB: ADP-ribosylation factor-like [Bgl]	GO:0005525 GO:0005622	Scaffold1317:58407:61049:1 gene:BGLB004872	-21	-23,1
bgl-bantam-3p	BGLB005245-PB: iron-sulfur cluster assembly 1 homolog- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0005198 GO:0051536 GO:0097428	Scaffold14479:12064:16922:1 gene:BGLB005245	-17	-26,2
bgl-bantam-3p	BGLB005349-PB: gonadotropin-releasing hormone II receptor-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0005000 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1484:26496:71597:1 gene:BGLB005349	-17	-24,6
bgl-bantam-3p	BGLB005353-PB: tubulin alpha-3 chain-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003924 GO:0005200 GO:0005525 GO:0005737 GO:0005874 GO:0007017	Scaffold1487:64271:85637:1 gene:BGLB005353	-17	-19,6
bgl-bantam-3p	BGLB005353-PC: tubulin alpha-3 chain-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003924 GO:0005200 GO:0005525 GO:0005737 GO:0005874 GO:0007017	Scaffold1487:64271:73978:1 gene:BGLB005353	-17	-19,6
bgl-bantam-3p	BGLB005687-PB: ATPase family AAA domain-containing protein 2B-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005524 GO:0006325 GO:0006355 GO:0016887	Scaffold1581:1757:23102:1 gene:BGLB005687	-16	-20
bgl-bantam-3p	BGLB006281-PB: GTPase IMAP family member 7-like [Bgl]	GO:0005525	Scaffold1772:69480:70610:1 gene:BGLB006281	-15	-20
bgl-bantam-3p	BGLB006370-PB: cytoglobin-1-like [Bgl]	GO:0005344 GO:0019825 GO:0020037 GO:0046872	Scaffold18:595079:649167:1 gene:BGLB006370	-22	-24,5
bgl-bantam-3p	BGLB006381-PB: tetratricopeptide repeat protein 8-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0034464 GO:1905515	Scaffold18:931672:961970:1 gene:BGLB006381	-19	-24,9
bgl-bantam-3p	BGLB006517-PB: Kv channel-interacting protein 2-like [Bgl]	GO:0005509	Scaffold1857:40209:47609:1 gene:BGLB006517	-19	-23,4
bgl-bantam-3p	BGLB007133-PB: dynein heavy chain 1- axonemal-like [Bgl]	GO:0003341 GO:0003777 GO:0005858 GO:0007018 GO:0016887 GO:0030286	Scaffold2122:44518:61011:1 gene:BGLB007133	-19	-22,1
bgl-bantam-3p	BGLB007889-PB: transmembrane protein 189-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2600:13294:21197:1 gene:BGLB007889	-16	-20,6
bgl-bantam-3p	BGLB008184-PB: uncharacterized protein LOC106068590 [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold2806:2148:4247:1 gene:BGLB008184	-25	-19,4
bgl-bantam-3p	BGLB008269-PB: putative protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A3 [Bgl]	GO:0005525	Scaffold2876:7654:9021:1 gene:BGLB008269	-15	-24,6
bgl-bantam-3p	BGLB008402-PB: lysosomal-trafficking regulator-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005488 GO:0007040	Scaffold296:100866:150645:1 gene:BGLB008402	-21	-23,3
bgl-bantam-3p	BGLB008642-PB: glutamate receptor ionotropic- kainate 4-like [Bgl]	GO:0004970 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold312:107221:122730:1 gene:BGLB008642	-18	-22,3
bgl-bantam-3p	BGLB008676-PB: solute carrier family 2- facilitated glucose transporter member 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005215 GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold315:61995:81372:1 gene:BGLB008676	-19	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB008997-PB: bifunctional purine biosynthesis protein PURH-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0003937 GO:0004643 GO:0006164	Scaffold3374:10690:19402:1 gene:BGLB008997	-16	-21,2
bgl-bantam-3p	BGLB009203-PB: low quality protein: formimidoyltransferase-cyclodeaminase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0005542 GO:0008152 GO:0016740 GO:0044237	Scaffold3530:27639:35479:1 gene:BGLB009203	-16	-22,4
bgl-bantam-3p	BGLB009449-PB: oxygen-dependent coproporphyrinogen-III oxidase-like [Bgl]	GO:0004109 GO:0006779 GO:0055114	Scaffold3762:689:8816:1 gene:BGLB009449	-18	-22,6
bgl-bantam-3p	BGLB009514-PB: S1 RNA-binding domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0006139	Scaffold3808:5597:20976:1 gene:BGLB009514	-32	-22,8
bgl-bantam-3p	BGLB009698-PB: large neutral amino acids transporter small subunit 2-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold3948:3743:16155:1 gene:BGLB009698	-18	-24,4
bgl-bantam-3p	BGLB009843-PB: uncharacterized protein LOC106072513 [Bgl]	GO:0046983	Scaffold410:314703:315951:1 gene:BGLB009843	-15	-18,3
bgl-bantam-3p	BGLB011662-PB: retinoic acid receptor beta-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0003707 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold4568:29641:47821:1 gene:BGLB011662	-15	-19,4
bgl-bantam-3p	BGLB012153-PB: aspartate aminotransferase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004069 GO:0006520 GO:0008483 GO:0009058 GO:0030170	Scaffold4618:36049:40290:1 gene:BGLB012153	-15	-19,8
bgl-bantam-3p	BGLB012209-PB: low quality protein: alanine aminotransferase 2-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0009058 GO:0030170	Scaffold4625:77999:93650:1 gene:BGLB012209	-16	-21,3
bgl-bantam-3p	BGLB012659-PB: multiple coagulation factor deficiency protein 2 homolog isoform X2[Bgl]	GO:0005509	Scaffold469:300776:306386:1 gene:BGLB012659	-16	-20,6
bgl-bantam-3p	BGLB013044-PD: organic cation transporter protein-like isoform X3 [Bgl]	GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold475:22845:31233:1 gene:BGLB013044	-41	-26,2
bgl-bantam-3p	BGLB013364-PB: zinc finger protein 596-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold48021:8900:10009:1 gene:BGLB013364	-18	-24,1
bgl-bantam-3p	BGLB013426-PB: probable G-protein coupled receptor 139- partial [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0008528 GO:0016021	Scaffold4814:12186:13589:1 gene:BGLB013426	-16	-19,2
bgl-bantam-3p	BGLB013830-PC: SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily E member 1-like isoform X4 [Bgl]	GO:0003677 GO:0016514 GO:0043044	Scaffold4877:104253:119709:1 gene:BGLB013830	-16	-21,1
bgl-bantam-3p	BGLB013830-PE: SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily E member 1-like isoform X5 [Bgl]	GO:0003677 GO:0016514 GO:0043044	Scaffold4877:104253:119677:1 gene:BGLB013830	-16	-21,1
bgl-bantam-3p	BGLB013929-PB: calcium-binding mitochondrial carrier protein SCaMC-2-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005743 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold4899:96831:138364:1 gene:BGLB013929	-16	-19,5
bgl-bantam-3p	BGLB016319-PA: uncharacterized protein LOC106067596 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005634 GO:0006355 GO:0007165	Scaffold4256:215386:257499:1 gene:BGLB016319	-17	-21,4
bgl-bantam-3p	BGLB016398-PA: centromere protein K-like [Bgl]	GO:0005634 GO:0051382	LG18 Scaffold355:100122:102784:1 gene:BGLB016398	-15	-21,5
bgl-bantam-3p	BGLB016554-PA: uncharacterized protein LOC106056109 [Bgl]	GO:0003824 GO:0005576 GO:0005975 GO:0006030 GO:0008061 GO:0016810	LG37 Scaffold216:32727:57640:1 gene:BGLB016554	-23	-26,6

bgl-bantam-3p	BGLB017175-PA: ERO1-like protein alpha isoform X6 [Bgl]	GO:0003756 GO:0005783 GO:0016671 GO:0055114	LG33 Scaffold118:358487:374192:1 gene:BGLB017175	-21	-24,9
bgl-bantam-3p	BGLB017196-PA: zinc finger protein 236-like- partial [Bgl]	GO:0003676 GO:0008270	Scaffold1800:40125:61635:1 gene:BGLB017196	-16	-22,1
bgl-bantam-3p	BGLB017578-PA: probable G-protein coupled receptor 158 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	LG9i Scaffold712:174011:191254:1 gene:BGLB017578	-16	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB018661-PA: protocadherin Fat 4-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold670:93135:121551:1 gene:BGLB018661	-19	-22,6
bgl-bantam-3p	BGLB018792-PA: oocyte zinc finger protein XICOF6-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676	LG20 Scaffold204:55670:59253:1 gene:BGLB018792	-17	-20,9
bgl-bantam-3p	BGLB019016-PA: innexin unc-7-like [Bgl]	GO:0005886 GO:0005921 GO:0006811 GO:0016021	Scaffold273:316537:319204:1 gene:BGLB019016	-17	-22
bgl-bantam-3p	BGLB020411-PA: uncharacterized protein LOC106069234 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2967:32324:36281:1 gene:BGLB020411	-15	-21,4
bgl-bantam-3p	BGLB020478-PB: uncharacterized protein LOC106067552 isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold255:297519:312536:1 gene:BGLB020478	-16	-20,6
bgl-bantam-3p	BGLB020591-PA: uncharacterized protein C18orf8-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold100:129803:141746:1 gene:BGLB020591	-16	-19,2
bgl-bantam-3p	BGLB021362-PA: trimethylguanosine synthase-like- partial [Bgl]	GO:0001510 GO:0008168 GO:0009452	Scaffold559711:171:2912:1 gene:BGLB021362	-18	-22,2
bgl-bantam-3p	BGLB021541-PA: uncharacterized protein YfaL-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1647:10321:62038:1 gene:BGLB021541	-15	-18,4
bgl-bantam-3p	BGLB022062-PA: serine/threonine-protein phosphatase 1 regulatory subunit 10-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005634 GO:0046872	Scaffold2856:23292:42413:1 gene:BGLB022062	-18	-26
bgl-bantam-3p	BGLB022141-PA: PRELI domain-containing protein 2-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005758	Scaffold471:118775:125204:1 gene:BGLB022141	-16	-20,6
bgl-bantam-3p	BGLB022141-PB: PRELI domain-containing protein 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005758	Scaffold471:118775:130553:1 gene:BGLB022141	-16	-20,6
bgl-bantam-3p	BGLB022151-PA: uncharacterized protein LOC106064879 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold19867:949:3929:1 gene:BGLB022151	-16	-19,3
bgl-bantam-3p	BGLB022413-PC: ADAM 17-like protease isoform X1 [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0016021 GO:0046872	Scaffold286:140171:166364:1 gene:BGLB022413	-15	-20,2
bgl-bantam-3p	BGLB022456-PA: spermidine synthase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0006596 GO:0016740	Scaffold260:291901:299254:1 gene:BGLB022456	-16	-20,9
bgl-bantam-3p	BGLB022456-PB: spermidine synthase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0006596 GO:0016740	Scaffold260:291901:299272:1 gene:BGLB022456	-16	-20,9
bgl-bantam-3p	BGLB022552-PA: proteasome-associated protein ECM29 homolog [Bgl]	GO:0005488 GO:0032947 GO:0043248	Scaffold19:112163:141210:1 gene:BGLB022552	-20	-26,7
bgl-bantam-3p	BGLB022721-PA: cyclin-dependent-like kinase 5 [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468 GO:0016021	Scaffold551725:3733:14377:1 gene:BGLB022721	-19	-23,8
bgl-bantam-3p	BGLB022871-PA: alpha-aminoadipic semialdehyde synthase- mitochondrial-like- partial [Bgl]	GO:0016491 GO:0055114	Scaffold4266:423:13654:1 gene:BGLB022871	-23	-26,2
bgl-bantam-3p	BGLB023016-PA: somatostatin receptor type 3-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold991:50455:52987:1 gene:BGLB023016	-19	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB023500-PA: serine/threonine-protein kinase HSL1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	LG51i Scaffold12:670730:691100:1 gene:BGLB023500	-18	-19,8
bgl-bantam-3p	BGLB023888-PA: ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 44-like [Bgl]	GO:0006511 GO:0008270 GO:0016579 GO:0036459	LG24 Scaffold487:2758:31877:1 gene:BGLB023888	-16	-22
bgl-bantam-3p	BGLB024406-PA: ubiquitin-like protein ATG12 [Bgl]	GO:0000045 GO:0005737	Scaffold48:569721:599649:1 gene:BGLB024406	-19	-21,3
bgl-bantam-3p	BGLB024646-PA: carbonic anhydrase 2-like- partial [Bgl]	GO:0004089 GO:0008270	Scaffold13440:3865:12901:1 gene:BGLB024646	-18	-22,6
bgl-bantam-3p	BGLB025320-PA: lysoplasmalogenase-like protein TMEM86A [Bgl]	GO:0016021	Scaffold69:136446:137747:1 gene:BGLB025320	-17	-19,5
bgl-bantam-3p	BGLB025356-PA: contactin-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold3986:12434:20897:1 gene:BGLB025356	-18	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB025373-PA: leucine-rich repeat-containing G-protein coupled receptor 4-like [Bgl]	GO:0005515	LG78i Scaffold68:102304:103842:1 gene:BGLB025373	-16	-21
bgl-bantam-3p	BGLB025394-PA: glutaredoxin-like protein C5orf63 homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0055114	Scaffold362:206211:207532:1 gene:BGLB025394	-17	-20,7
bgl-bantam-3p	BGLB025703-PA: acetylglutamate kinase-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016301	Scaffold479:107247:112768:1 gene:BGLB025703	-18	-21,6
bgl-bantam-3p	BGLB025993-PA: cell wall integrity and stress response component 4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold157:168966:188105:1 gene:BGLB025993	-22	-23,7
bgl-bantam-3p	BGLB026090-PA: rho GTPase-activating protein 8-like [Bgl]	GO:0007165	Scaffold1782:35081:45600:1 gene:BGLB026090	-17	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB027185-PA: uncharacterized protein LOC106079982 isoform X1 [Bgl]	GO:0005164 GO:0005515 GO:0006955 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold674:34227:44388:1 gene:BGLB027185	-16	-21,2
bgl-bantam-3p	BGLB027185-PB: uncharacterized protein LOC106079982 isoform X1 [Bgl]	GO:0005164 GO:0005515 GO:0006955 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold674:32992:44388:1 gene:BGLB027185	-16	-21,2
bgl-bantam-3p	BGLB027856-PA: uncharacterized protein LOC106064881 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003707 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold1987:3060:13686:1 gene:BGLB027856	-19	-21
bgl-bantam-3p	BGLB027938-PA: uncharacterized protein LOC106075240 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0005739 GO:0010738 GO:0034237	Scaffold53:185884:197942:1 gene:BGLB027938	-16	-21
bgl-bantam-3p	BGLB028069-PA: condensin-2 complex subunit G2-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005634	Scaffold211:146565:162519:1 gene:BGLB028069	-16	-19,8
bgl-bantam-3p	BGLB028208-PA: metaxin-2-like [Bgl]	GO:0005741 GO:0006626	Scaffold1054:120286:132694:1 gene:BGLB028208	-17	-20,3
bgl-bantam-3p	BGLB028629-PA: uncharacterized protein LOC106052706 [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold259:18066:19940:1 gene:BGLB028629	-16	-18,9
bgl-bantam-3p	BGLB028857-PA: CD109 antigen-like [Bgl]	GO:0005576	LG4 Scaffold10047:14586:17474:1 gene:BGLB028857	-17	-20,5
bgl-bantam-3p	BGLB029198-PA: potassium channel subfamily K member 18-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold21321:2568:3029:1 gene:BGLB029198	-19	-22,6
bgl-bantam-3p	BGLB029277-PA: stabilin-2-like [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold1015:83671:102871:1 gene:BGLB029277	-16	-21,3
bgl-bantam-3p	BGLB029943-PA: uncharacterized protein LOC106058971 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold114:323109:343796:1 gene:BGLB029943	-19	-23,1
bgl-bantam-3p	BGLB030287-PA: ankyrin repeat and KH domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	LG17 Scaffold1404:72135:82746:1 gene:BGLB030287	-18	-22
bgl-bantam-3p	BGLB030706-PA: uncharacterized protein LOC106079179 [Bgl]	GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold625:179569:180327:1 gene:BGLB030706	-76	-20,9
bgl-bantam-3p	BGLB030786-PA: F-box/LRR-repeat protein 6-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold6728:11617:22379:1 gene:BGLB030786	-20	-21,5
bgl-bantam-3p	BGLB030789-PA: uncharacterized protein LOC106060777 [Bgl]	GO:0004861 GO:0005634 GO:0007050	Scaffold1400:49953:52282:1 gene:BGLB030789	-17	-21,9
bgl-bantam-3p	BGLB030880-PA: transmembrane protease serine 13-like [Bgl]	GO:0004252 GO:0006508	LG2 Scaffold80:381931:394023:1 gene:BGLB030880	-20	-23,6
bgl-bantam-3p	BGLB031037-PA: uncharacterized protein LOC106065316 isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	Scaffold2046:5928:37466:1 gene:BGLB031037	-16	-21,8
bgl-bantam-3p	BGLB031404-PA: uncharacterized protein LOC106073903 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold4704:28596:29606:1 gene:BGLB031404	-16	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB031405-PA: lamin-like protein [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1422:54714:62467:1 gene:BGLB031405	-18	-21,3
bgl-bantam-3p	BGLB031437-PA: uncharacterized protein LOC106059111 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold8:315607:331847:1 gene:BGLB031437	-38	-24,2
bgl-bantam-3p	BGLB031437-PB: uncharacterized protein LOC106059111 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold8:309021:331847:1 gene:BGLB031437	-38	-24,2
bgl-bantam-3p	BGLB031731-PA: sodium-coupled neutral amino acid transporter 9 homolog [Bgl]	GO:0016021	Scaffold19:902004:917604:1 gene:BGLB031731	-17	-20,4
bgl-bantam-3p	BGLB032521-PB: uncharacterized protein LOC106077866 [Bgl]	GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold565300:1293:2377:1 gene:BGLB032521	-16	-20,9

bgl-bantam-3p	BGLB032861-PA: glycoprotein-N-acetylgalactosamine 3-beta-galactosyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0016757	Scaffold5914:7433:15085:1 gene:BGLB032861	-17	-19,6
bgl-bantam-3p	BGLB033224-PA: uncharacterized protein LOC106065593 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold4403:101722:106793:1 gene:BGLB033224	-16	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB033224-PB: uncharacterized protein LOC106065593 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold4403:99760:106793:1 gene:BGLB033224	-16	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB033285-PB: gamma-gliadin-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4986:54114:54734:1 gene:BGLB033285	-16	-18,9
bgl-bantam-3p	BGLB033471-PA: sphingomyelin phosphodiesterase-like [Bgl]	GO:0004767 GO:0006629 GO:0006685 GO:0016787 GO:0016798 GO:0046872	Scaffold260:91848:102073:1 gene:BGLB033471	-19	-21,6
bgl-bantam-3p	BGLB033758-PA: uncharacterized protein LOC106067430 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold252:335908:340280:1 gene:BGLB033758	-15	-19,6
bgl-bantam-3p	BGLB033958-PB: uncharacterized protein LOC106054177 [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold1568:72709:87073:1 gene:BGLB033958	-16	-18,7
bgl-bantam-3p	BGLB034050-PA: uncharacterized protein LOC106073551 [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold80:163588:175787:1 gene:BGLB034050	-25	-19,2
bgl-bantam-3p	BGLB034100-PA: potassium channel subfamily K member 10-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold697:11124:24217:1 gene:BGLB034100	-16	-22,5
bgl-bantam-3p	BGLB034137-PA: uncharacterized protein LOC106077946 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold568:119419:122695:1 gene:BGLB034137	-23	-24,7
bgl-bantam-3p	BGLB034424-PA: myotubularin-related protein 4-like [Bgl]	GO:0046872	Scaffold5909:22734:26851:1 gene:BGLB034424	-18	-21,7
bgl-bantam-3p	BGLB034433-PA: cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold452:47206:60634:1 gene:BGLB034433	-15	-21
bgl-bantam-3p	BGLB034816-PA: protein unc-79 homolog [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	Scaffold100:450379:474391:1 gene:BGLB034816	-17	-22,5
bgl-bantam-3p	BGLB035715-PA: ankyrin-1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold11059:11007:14123:1 gene:BGLB035715	-16	-19,8
bgl-bantam-3p	BGLB036338-PA: short-chain dehydrogenase/reductase 3-like [Bgl]	GO:0016491	LG3 Scaffold688:55099:62993:1 gene:BGLB036338	-18	-21,9
bgl-bantam-3p	BGLB036534-PA: uncharacterized protein LOC106061570 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1516:12194:24077:1 gene:BGLB036534	-17	-21,4
bgl-bantam-3p	BGLB036655-PA: uncharacterized protein LOC106051467 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold7852:14268:17496:1 gene:BGLB036655	-21	-24,5
bgl-bantam-3p	BGLB037464-PA: amiloride-sensitive sodium channel subunit gamma-2-like- partial [Bgl]	GO:0005272 GO:0006814 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold9240:982:13293:1 gene:BGLB037464	-18	-21,6
bgl-bantam-3p	BGLB037758-PA: uncharacterized protein LOC106077934 [Bgl]	GO:0001510 GO:0008168 GO:0009452	Scaffold5679:3930:16339:1 gene:BGLB037758	-15	-20,9
bgl-bantam-3p	BGLB037819-PA: uncharacterized protein LOC106051670 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold798:33148:45841:1 gene:BGLB037819	-16	-20,3
bgl-bantam-3p	BGLB037822-PA: WASH complex subunit CCDC53-like [Bgl]	GO:0071203	Scaffold75:307817:312932:1 gene:BGLB037822	-16	-21,2
bgl-bantam-3p	BGLB038766-PA: ADP-ribosylation factor-like protein 16 [Bgl]	GO:0005525 GO:0005622	Scaffold51:508991:512674:1 gene:BGLB038766	-17	-22,8
bgl-bantam-3p	BGLB040096-PA: uncharacterized protein LOC106063426 isoform X1 [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0016020 GO:0016021	LG4 Scaffold52:457806:517383:1 gene:BGLB040096	-17	-21,4
bgl-let-7-5p	BGLB001481-PB: tetratricopeptide repeat protein 17-like- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG26 Scaffold59:392694:397163:1 gene:BGLB001481	-18	-24,1
bgl-let-7-5p	BGLB002098-PB: sn1-specific diacylglycerol lipase beta-like [Bgl]	GO:0006629 GO:0016021 GO:0016787	LG2 Scaffold91:467699:482805:1 gene:BGLB002098	-17	-20,4
bgl-let-7-5p	BGLB002416-PB: folylpolyglutamate synthase- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004326 GO:0005524 GO:0009058 GO:0009396 GO:0016874	LG48i Scaffold305:99563:112318:1 gene:BGLB002416	-16	-23,1
bgl-let-7-5p	BGLB002416-PC: folylpolyglutamate synthase- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004326 GO:0005524 GO:0006730 GO:0009058 GO:0009396 GO:0016874	LG48i Scaffold305:99563:112189:1 gene:BGLB002416	-16	-23,1
bgl-let-7-5p	BGLB002581-PB: 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1-like [Bgl]	GO:0000502 GO:0005488 GO:0008540 GO:0030234 GO:0042176	LG4 Scaffold324:54178:61506:1 gene:BGLB002581	-15	-25,6
bgl-let-7-5p	BGLB002584-PB: uncharacterized protein LOC106065272 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold324:128731:133079:1 gene:BGLB002584	-19	-23,1
bgl-let-7-5p	BGLB002602-PF: epidermal growth factor receptor substrate 15-like 1 isoform X5 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005515	LG4 Scaffold36:636866:652192:1 gene:BGLB002602	-16	-21,4
bgl-let-7-5p	BGLB003141-PB: D-aspartate oxidase-like [Bgl]	GO:0003884 GO:0016491 GO:0046416 GO:0055114 GO:0071949	LG6 Scaffold888:80422:89937:1 gene:BGLB003141	-18	-22
bgl-let-7-5p	BGLB004098-PB: cell death abnormality protein 1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold10812:13339:14511:1 gene:BGLB004098	-18	-22,5
bgl-let-7-5p	BGLB004730-PB: protein hunchback-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold1271:23985:29567:1 gene:BGLB004730	-17	-21,6
bgl-let-7-5p	BGLB005227-PB: uncharacterized protein LOC106061064 [Bgl]	GO:0005509 GO:0016021	Scaffold1438:6528:49808:1 gene:BGLB005227	-21	-25,8
bgl-let-7-5p	BGLB005254-PB: ATP-binding cassette sub-family G member 8-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021	Scaffold145:352935:363830:1 gene:BGLB005254	-21	-24,4
bgl-let-7-5p	BGLB005829-PB: probable anion transporter 4- chloroplastical [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold162:467803:475686:1 gene:BGLB005829	-20	-24,2
bgl-let-7-5p	BGLB006608-PB: transient receptor potential cation channel subfamily A member 1-like isoform X4 [Bgl]	GO:0005216 GO:0005515 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0034220	Scaffold19:994897:1021798:1 gene:BGLB006608	-19	-23,2
bgl-let-7-5p	BGLB006620-PB: calcineurin-binding protein cabin-1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1901:21717:60459:1 gene:BGLB006620	-21	-24,3
bgl-let-7-5p	BGLB007245-PB: glutamine synthetase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004356 GO:0005524 GO:0006542 GO:0006807	Scaffold2191:76836:87104:1 gene:BGLB007245	-16	-23,1
bgl-let-7-5p	BGLB007309-PB: egl nine homolog 1-like [Bgl]	GO:0005506 GO:0016491 GO:0016705 GO:0031418 GO:0055114	Scaffold223:440452:446388:1 gene:BGLB007309	-18	-23,8
bgl-let-7-5p	BGLB007869-PB: mothers against decapentaplegic homolog 4-like- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0005622 GO:0006355	Scaffold2589:290:4929:1 gene:BGLB007869	-22	-24,7
bgl-let-7-5p	BGLB008568-PB: uncharacterized protein LOC106069574 isoform X3 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold307:146011:153750:1 gene:BGLB008568	-18	-21,2
bgl-let-7-5p	BGLB008592-PB: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold3090:34076:35179:1 gene:BGLB008592	-17	-18,6
bgl-let-7-5p	BGLB008603-PB: macrophage erythroblast attacher-like [Bgl]	GO:0005515 GO:00045721	Scaffold31:376870:381945:1 gene:BGLB008603	-32	-23
bgl-let-7-5p	BGLB009077-PB: COP9 signalosome complex subunit 4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005737 GO:0008180	Scaffold3421:16758:27039:1 gene:BGLB009077	-24	-29,8
bgl-let-7-5p	BGLB009077-PC: COP9 signalosome complex subunit 4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005737 GO:0008180	Scaffold3421:19016:27039:1 gene:BGLB009077	-24	-29,8
bgl-let-7-5p	BGLB010526-PB: G protein-coupled receptor kinase 5-like- partial [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0004703 GO:0005524 GO:0006468 GO:0007165	Scaffold4786:31241:40576:1 gene:BGLB010526	-15	-21,8
bgl-let-7-5p	BGLB011751-PB: insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile subunit [Bgl]	GO:0005515	Scaffold5765:119:1888:1 gene:BGLB011751	-16	-21,7
bgl-let-7-5p	BGLB011955-PB: serine/threonine-protein kinase/endoribonuclease ire-1-like [Bgl]	GO:0004540 GO:0004672 GO:0005515 GO:0005524 GO:0006397 GO:0006468	Scaffold6:945904:960272:1 gene:BGLB011955	-19	-22,9
bgl-let-7-5p	BGLB012006-PB: cyclin-L1-like [Bgl]	GO:0000079 GO:0005634 GO:0006355 GO:0006396	Scaffold601:31900:42996:1 gene:BGLB012006	-15	-21
bgl-let-7-5p	BGLB012397-PB: probable DNA-3-methyladenine glycosylase [Bgl]	GO:0003677 GO:0003824 GO:0003905 GO:0006284	Scaffold654:98002:102258:1 gene:BGLB012397	-18	-21,2
bgl-let-7-5p	BGLB013290-PC: histidine--tRNA ligase- cytoplasmic-like isoform X3 [Bgl]	GO:0004821 GO:0005524 GO:0005737 GO:0006427	Scaffold790:120051:128194:1 gene:BGLB013290	-18	-21,2
bgl-let-7-5p	BGLB013464-PB: poly [ADP-ribose] polymerase 14-like [Bgl]	GO:0003950	Scaffold82:171107:198319:1 gene:BGLB013464	-20	-21,6

bgl-let-7-5p	BGLB013473-PB: ADAM family mig-17-like [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0046872	Scaffold82:455658:487192:1 gene:BGLB013473	-15	-20,1
bgl-let-7-5p	BGLB014066-PB: suppressor of cytokine signaling 2-like [Bgl]	GO:0001558 GO:0005159 GO:0005737 GO:0008269 GO:0035556 GO:0046426	Scaffold92:576904:577698:1 gene:BGLB014066	-16	-23,6
bgl-let-7-5p	BGLB014222-PB: serine/threonine-protein kinase 16-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold954:58737:67310:1 gene:BGLB014222	-19	-23,4
bgl-let-7-5p	BGLB014352-PB: ubiquitin-1-like [Bgl]	GO:0005515	gene:BGLB014352	-19	-22,1
bgl-let-7-5p	BGLB016973-PA: uncharacterized protein LOC106064295 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634	LG4 Scaffold217:371194:373188:1 gene:BGLB016973	-17	-21,4
bgl-let-7-5p	BGLB017064-PA: zinc finger protein 578-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003676	LG17 Scaffold1568:8071:10127:1 gene:BGLB017064	-18	-21,9
bgl-let-7-5p	BGLB017981-PA: uncharacterized protein LOC106055091 isoform X1 [Bgl]	GO:0003779 GO:0007009	LG25 Scaffold246:259482:292822:1 gene:BGLB017981	-18	-24,3
bgl-let-7-5p	BGLB019233-PA: zinc finger protein 708-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold3447:20981:22270:1 gene:BGLB019233	-17	-23,3
bgl-let-7-5p	BGLB019795-PA: low quality protein: uncharacterized protein LOC106078712 [Bgl]	GO:0003676 GO:0005515	Scaffold601:53931:68852:1 gene:BGLB019795	-19	-23,1
bgl-let-7-5p	BGLB020179-PA: uncharacterized protein LOC106057515 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold1:575767:592491:1 gene:BGLB020179	-20	-25,2
bgl-let-7-5p	BGLB020454-PA: uncharacterized protein LOC106069132 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold294:115223:120189:1 gene:BGLB020454	-17	-25,2
bgl-let-7-5p	BGLB021129-PA: uncharacterized protein LOC106064798 [Bgl]	GO:0005576 GO:0006030 GO:0008061	Scaffold1968:54529:65435:1 gene:BGLB021129	-16	-20,3
bgl-let-7-5p	BGLB021416-PA: twinkle protein- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003678 GO:0005524 GO:0006260	Scaffold1617:92558:106601:1 gene:BGLB021416	-16	-19,3
bgl-let-7-5p	BGLB022621-PB: uncharacterized protein LOC106050252 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold7056:6283:7809:1 gene:BGLB022621	-19	-23,3
bgl-let-7-5p	BGLB022795-PA: syntaxin-binding protein 4-like [Bgl]	GO:0005515	LG10 Scaffold130:70916:75634:1 gene:BGLB022795	-25	-27,4
bgl-let-7-5p	BGLB023678-PA: maternal embryonic leucine zipper kinase-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468	LG45i Scaffold444:449813:468385:1 gene:BGLB023678	-19	-21,1
bgl-let-7-5p	BGLB025489-PC: myelin expression factor 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	LG21 Scaffold123:156415:165399:1 gene:BGLB025489	-23	-25
bgl-let-7-5p	BGLB025740-PA: 77 kDa echinoderm microtubule-associated protein-like [Bgl]	GO:0005515	LG3 Scaffold4310:1621:13694:1 gene:BGLB025740	-19	-23,8
bgl-let-7-5p	BGLB026587-PA: uncharacterized protein LOC106061272 [Bgl]	GO:0009607 GO:0016021	Scaffold14669:364:7954:1 gene:BGLB026587	-18	-21,1
bgl-let-7-5p	BGLB026638-PA: TPR repeat-containing protein DDB G0287407-like [Bgl]	GO:0005622 GO:0006886 GO:0008536	LG51i Scaffold112:804965:818124:1 gene:BGLB026638	-16	-22,5
bgl-let-7-5p	BGLB026692-PA: uncharacterized protein LOC106079796 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6633:1029:5052:1 gene:BGLB026692	-17	-19,4
bgl-let-7-5p	BGLB026775-PA: uncharacterized protein LOC106050445 isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold72:428015:431787:1 gene:BGLB026775	-18	-21,3
bgl-let-7-5p	BGLB026775-PB: uncharacterized protein LOC106050445 isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold72:429898:431787:1 gene:BGLB026775	-18	-21,3
bgl-let-7-5p	BGLB027210-PA: low quality protein: ankyrin repeat domain-containing protein 13C-like [Bgl]	GO:0005515	LG4 Scaffold285:143869:154390:1 gene:BGLB027210	-22	-25,1
bgl-let-7-5p	BGLB027642-PA: deoxyribonuclease-2-like [Bgl]	GO:0004531 GO:0006259	Scaffold555281:1898:6518:1 gene:BGLB027642	-19	-23,7
bgl-let-7-5p	BGLB027936-PA: uncharacterized protein LOC106058813 [Bgl]	GO:0005623 GO:0009055 GO:0015035 GO:0045454	Scaffold112:217747:227492:1 gene:BGLB027936	-16	-23,1
bgl-let-7-5p	BGLB028043-PA: calmodulin-regulated spectrin-associated protein 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005516 GO:0008017	Scaffold4611:6675:41752:1 gene:BGLB028043	-15	-17,8
bgl-let-7-5p	BGLB028043-PC: patronin-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005516 GO:0008017	Scaffold4611:6675:39177:1 gene:BGLB028043	-15	-17,8
bgl-let-7-5p	BGLB028210-PA: protein unc-93 homolog A-like- partial [Bgl]	GO:0016021	Scaffold532507:205:2590:1 gene:BGLB028210	-19	-21,9
bgl-let-7-5p	BGLB028553-PA: low quality protein: A/G-specific adenine DNA glycosylase-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0003824 GO:0006281 GO:0006284 GO:0016787 GO:0051539	LG4 Scaffold8:1389725:1399976:1 gene:BGLB028553	-15	-23,5
bgl-let-7-5p	BGLB028788-PA: toll-like receptor 5 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165 GO:0016021	Scaffold17331:3034:5664:1 gene:BGLB028788	-19	-22,6
bgl-let-7-5p	BGLB029640-PA: uncharacterized protein LOC106065368 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG4 Scaffold347:190892:207083:1 gene:BGLB029640	-16	-24,5
bgl-let-7-5p	BGLB030365-PA: protein SFI1 homolog [Bgl]	GO:0005813	Scaffold5967:3706:17106:1 gene:BGLB030365	-18	-21,5
bgl-let-7-5p	BGLB030939-PA: uncharacterized protein LOC106064290 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1896:34497:35414:1 gene:BGLB030939	-17	-21,3
bgl-let-7-5p	BGLB031760-PA: low quality protein: uncharacterized protein LOC106065438 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold207:2532:12001:1 gene:BGLB031760	-16	-20,8
bgl-let-7-5p	BGLB032068-PA: tetraspanin-4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold828:137589:142760:1 gene:BGLB032068	-19	-25,8
bgl-let-7-5p	BGLB032068-PB: tetraspanin-4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold828:128011:142760:1 gene:BGLB032068	-19	-25,8
bgl-let-7-5p	BGLB033242-PA: D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold15787:25047:28085:1 gene:BGLB033242	-18	-23,3
bgl-let-7-5p	BGLB033440-PA: adhesion G protein-coupled receptor L2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016525	LG4 Scaffold311:68655:90628:1 gene:BGLB033440	-48	-22,5
bgl-let-7-5p	BGLB033440-PD: adhesion G protein-coupled receptor L2-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016525	LG4 Scaffold311:67954:90628:1 gene:BGLB033440	-48	-22,5
bgl-let-7-5p	BGLB036356-PA: calmodulin-2-like [Bgl]	GO:0005509	Scaffold831:37365:39804:1 gene:BGLB036356	-18	-23,3
bgl-let-7-5p	BGLB037210-PA: D-glucuronyl C5-epimerase-like [Bgl]	GO:0006024 GO:0016021 GO:0016857	Scaffold601:17229:30408:1 gene:BGLB037210	-21	-22,4
bgl-let-7-5p	BGLB037649-PA: 1-phosphatidylinositol 4-5-bisphosphate phosphodiesterase gamma-1-like [Bgl]	GO:0004435 GO:0005622 GO:0006629 GO:0007165 GO:0008081 GO:0016021 GO:0016042 GO:0035556	Scaffold3468:7438:30006:1 gene:BGLB037649	-16	-21,2
bgl-let-7-5p	BGLB038157-PA: uncharacterized protein LOC106053379 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold460:113822:119876:1 gene:BGLB038157	-15	-20,6
bgl-let-7-5p	BGLB038253-PA: uncharacterized protein LOC106056658 isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	LG2 Scaffold400:255969:268313:1 gene:BGLB038253	-24	-26,7
bgl-let-7-5p	BGLB038253-PB: uncharacterized protein LOC106056658 isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	LG2 Scaffold400:255969:260715:1 gene:BGLB038253	-24	-26,7
bgl-let-7-5p	BGLB038617-PA: uncharacterized protein LOC106055214 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG26 Scaffold59:13901:30807:1 gene:BGLB038617	-20	-21,8
bgl-let-7-5p	BGLB038894-PA: nuclear hormone receptor E75-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003707 GO:0004887 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold2271:6907:10978:1 gene:BGLB038894	-18	-22,3
bgl-let-7-5p	BGLB038894-PB: nuclear hormone receptor E75-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003707 GO:0004887 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold2271:7045:10978:1 gene:BGLB038894	-18	-22,3
bgl-let-7-5p	BGLB040250-PA: filamin-A-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold45573:27005:27857:1 gene:BGLB040250	-17	-20,9
bgl-let-7-5p	BGLB040286-PA: low quality protein: POU domain- class 2- transcription factor 1-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355 GO:0043565	Scaffold554:139296:142978:1 gene:BGLB040286	-17	-22,8
bgl-let-7-5p	BGLB040413-PA: von Willebrand factor A domain-containing protein 8-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016887	LG2 Scaffold164:329377:370988:1 gene:BGLB040413	-18	-22,5
bgl-miR-100-5p	BGLB000923-PB: leucine-rich repeats and immunoglobulin-like domains protein 2 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG17 Scaffold937:396:16963:1 gene:BGLB000923	-16	-19,9

bgl-miR-100-5p	BGLB003376-PB: far upstream element-binding protein 2-like isoform X4 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0006355	LG7 Scaffold359:12770:23810:1 gene:BGLB003376	-16	-22,7
bgl-miR-100-5p	BGLB003376-PC: far upstream element-binding protein 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0006355	LG7 Scaffold359:12770:19744:1 gene:BGLB003376	-16	-22,7
bgl-miR-100-5p	BGLB004900-PB: doublecortin domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0005622 GO:0035556	Scaffold13280:7701:9128:1 gene:BGLB004900	-15	-20
bgl-miR-100-5p	BGLB005528-PB: phosphatidylinositol-binding clathrin assembly protein LAP-like [Bgl]	GO:0005543 GO:0005545 GO:0030136 GO:0030276 GO:0048268	Scaffold1548:3908:42123:1 gene:BGLB005528	-15	-21,9
bgl-miR-100-5p	BGLB005867-PB: ankyrin-3-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold163:231855:232874:1 gene:BGLB005867	-18	-20
bgl-miR-100-5p	BGLB006597-PB: UDP-glucose 4-epimerase-like [Bgl]	GO:0003978 GO:0005975 GO:0006012 GO:0016857	Scaffold19:617737:623946:1 gene:BGLB006597	-26	-25,9
bgl-miR-100-5p	BGLB011030-PB: proton-coupled folate transporter-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold524:36660:52672:1 gene:BGLB011030	-16	-22,1
bgl-miR-100-5p	BGLB011754-PB: transmembrane protease serine 3-like [Bgl]	GO:0004252 GO:0006508 GO:0016020	Scaffold5767:348:6580:1 gene:BGLB011754	-20	-23
bgl-miR-100-5p	BGLB012154-PB: beta-1-syntrophin-like [Bgl]	GO:0005198 GO:0005515 GO:0016010 GO:0050808	Scaffold618:46612:54074:1 gene:BGLB012154	-21	-23,4
bgl-miR-100-5p	BGLB012920-PB: 2-hydroxyacylsphingosine 1-beta-galactosyltransferase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0008152 GO:0016021 GO:0016758	Scaffold7332:2596:10293:1 gene:BGLB012920	-17	-21,7
bgl-miR-100-5p	BGLB012920-PC: 2-hydroxyacylsphingosine 1-beta-galactosyltransferase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0008152 GO:0016021 GO:0016758	Scaffold7332:2596:5961:1 gene:BGLB012920	-17	-21,7
bgl-miR-100-5p	BGLB012995-PB: beta-N-acetyl-D-glucosaminide beta-1-4-N-acetylglucosaminyl-transferase-like [Bgl]	GO:0005975 GO:0016021 GO:0016757	Scaffold742:11993:56936:1 gene:BGLB012995	-22	-29,5
bgl-miR-100-5p	BGLB013214-PB: beta-1-4-galactosyltransferase 4-like [Bgl]	GO:0005975 GO:0016757	Scaffold7797:1148:13673:1 gene:BGLB013214	-18	-21,1
bgl-miR-100-5p	BGLB016974-PA: low quality protein: acetyl-CoA carboxylase-like [Bgl]	GO:0003989 GO:0005488 GO:0005524 GO:0006633 GO:0016874 GO:0046872	Scaffold894:79785:115870:1 gene:BGLB016974	-19	-25,3
bgl-miR-100-5p	BGLB019915-PB: extended synaptotagmin-2-like isoform X5 [Bgl]	GO:0006869 GO:0008289 GO:0016021 GO:0061817	Scaffold211:220715:248619:1 gene:BGLB019915	-19	-22,7
bgl-miR-100-5p	BGLB023165-PA: 3-(3aS-4S-7aS)-7a-methyl-1-5-dioxo-octahydro-1H-inden-4-yl]propanoyl-CoA ligase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	LG4 Scaffold311:4789:10055:1 gene:BGLB023165	-20	-23,3
bgl-miR-100-5p	BGLB023572-PA: uncharacterized protein LOC106066442 [Bgl]	GO:0003950	Scaffold229:437258:441722:1 gene:BGLB023572	-17	-19,7
bgl-miR-100-5p	BGLB024260-PA: gamma-glutamylcyclotransferase-like [Bgl]	GO:0003839	LG6 Scaffold151:151814:159329:1 gene:BGLB024260	-15	-18,9
bgl-miR-100-5p	BGLB024326-PA: UDP-glucuronosyltransferase 1-6-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0015020 GO:0016021 GO:0016758	Scaffold1443:5248:15535:1 gene:BGLB024326	-22	-25,4
bgl-miR-100-5p	BGLB025631-PA: uncharacterized protein LOC106054643 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG21 Scaffold454:63037:81695:1 gene:BGLB025631	-20	-23,6
bgl-miR-100-5p	BGLB026180-PA: uncharacterized protein LOC106050423 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold7196:11364:15924:1 gene:BGLB026180	-16	-23,5
bgl-miR-100-5p	BGLB027278-PA: proto-oncogene tyrosine-protein kinase receptor Ret-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004713 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold21:609087:643200:1 gene:BGLB027278	-19	-25,2
bgl-miR-100-5p	BGLB027527-PA: mitochondrial pyruvate carrier 2-like [Bgl]	GO:0005743 GO:0006850 GO:0016021	Scaffold2016:6366:9867:1 gene:BGLB027527	-17	-21,2
bgl-miR-100-5p	BGLB029143-PA: uncharacterized protein LOC106064063 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold185:248425:283230:1 gene:BGLB029143	-18	-20,8
bgl-miR-100-5p	BGLB029143-PB: uncharacterized protein LOC106064063 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold185:248425:273065:1 gene:BGLB029143	-18	-20,8
bgl-miR-100-5p	BGLB029427-PA: uncharacterized protein LOC106058287- partial [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold10669:807:2405:1 gene:BGLB029427	-18	-22,5
bgl-miR-100-5p	BGLB032252-PA: molluscan insulin-related peptide 3-like [Bgl]	GO:0005179 GO:0005576	Scaffold55:29978:32549:1 gene:BGLB032252	-19	-19,4
bgl-miR-100-5p	BGLB032390-PA: chymotrypsin-like elastase family member 2A [Bgl]	GO:0004252 GO:0006508	LG6 Scaffold44868:1732:10799:1 gene:BGLB032390	-15	-22
bgl-miR-100-5p	BGLB032948-PA: E3 ubiquitin-protein ligase HACE1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1645:51107:64280:1 gene:BGLB032948	-20	-23,9
bgl-miR-100-5p	BGLB032948-PB: E3 ubiquitin-protein ligase HACE1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1645:61469:64280:1 gene:BGLB032948	-20	-23,9
bgl-miR-100-5p	BGLB033854-PA: uncharacterized protein LOC106056020 [Bgl]	GO:0016021	LG34i Scaffold5:710146:724196:1 gene:BGLB033854	-20	-23,9
bgl-miR-100-5p	BGLB036692-PA: adhesion G protein-coupled receptor A3-like [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0005515 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016020	Scaffold3362:4514:19527:1 gene:BGLB036692	-23	-28,5
bgl-miR-100-5p	BGLB038063-PA: uncharacterized protein LOC106069826 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold315:17934:23071:1 gene:BGLB038063	-20	-24,3
bgl-miR-100-5p	BGLB038063-PB: uncharacterized protein LOC106069826 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold315:17934:23362:1 gene:BGLB038063	-20	-24,3
bgl-miR-100-5p	BGLB038664-PA: uncharacterized protein LOC106053233 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold9225:10748:16122:1 gene:BGLB038664	-21	-26,9
bgl-miR-100-5p	BGLB038945-PB: uncharacterized protein LOC106061397 isoform X1 [Bgl]	GO:0046872	Scaffold149:449087:454124:1 gene:BGLB038945	-17	-20,9
bgl-miR-100-5p	BGLB039564-PA: uncharacterized protein LOC106068334 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold276:61098:70271:1 gene:BGLB039564	-20	-24
bgl-miR-100-5p	BGLB040165-PA: uncharacterized protein LOC106061369 [Bgl]	GO:0005216 GO:0005515 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold1486:91745:116328:1 gene:BGLB040165	-17	-22
bgl-miR-184-3p	BGLB000695-PB: dynein heavy chain 5- axonemal-like [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0016887 GO:0030286	LG14i Scaffold367:80694:173951:1 gene:BGLB000695	-24	-25,4
bgl-miR-184-3p	BGLB000893-PB: POC1 centriolar protein homolog A-like [Bgl]	GO:0005515	LG17 Scaffold539:26931:42324:1 gene:BGLB000893	-23	-23,5
bgl-miR-184-3p	BGLB000971-PB: probable tubulin polyglutamylase TLL1 [Bgl]	GO:0005524 GO:0006464 GO:0018095	LG19 Scaffold212:278497:299707:1 gene:BGLB000971	-24	-28,3
bgl-miR-184-3p	BGLB001363-PB: RING finger protein 32-like [Bgl]	GO:0005515	LG24 Scaffold332:62537:71579:1 gene:BGLB001363	-20	-25,5
bgl-miR-184-3p	BGLB001835-PB: zinc finger protein 425-like [Bgl]	GO:0003676	LG2 Scaffold164:425104:427998:1 gene:BGLB001835	-21	-26,9
bgl-miR-184-3p	BGLB002267-PB: activated CDC42 kinase 1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004713 GO:0005515 GO:0005524 GO:0006468	LG3 Scaffold4450:50095:78866:1 gene:BGLB002267	-18	-22,9
bgl-miR-184-3p	BGLB002591-PB: intracellular transport protein 172 homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	LG4 Scaffold3486:9282:37130:1 gene:BGLB002591	-17	-25
bgl-miR-184-3p	BGLB002600-PB: low quality protein: joubertin-like [Bgl]	GO:0005515	LG4 Scaffold36:451600:473202:1 gene:BGLB002600	-20	-24,9
bgl-miR-184-3p	BGLB002607-PB: ankyrin repeat domain-containing protein 66-like [Bgl]	GO:0005515	LG4 Scaffold36:823152:826095:1 gene:BGLB002607	-20	-22,3
bgl-miR-184-3p	BGLB002950-PB: potassium channel subfamily K member 18-like [Bgl]	GO:0005267 GO:0016020 GO:0016021 GO:0071805	LG5 Scaffold546:72488:101661:1 gene:BGLB002950	-23	-25,8
bgl-miR-184-3p	BGLB003042-PB: protein jagged-1-like [Bgl]	GO:0005509	LG68i Scaffold6792:3982:11113:1 gene:BGLB003042	-19	-24,1
bgl-miR-184-3p	BGLB003050-PB: uncharacterized protein LOC106068865 [Bgl]	GO:0004383 GO:0004672 GO:0004713 GO:0005524 GO:0006468 GO:0016021	LG6 Scaffold1132:3757:17160:1 gene:BGLB003050	-24	-26,5
bgl-miR-184-3p	BGLB005622-PB: tetratricopeptide repeat protein 30A-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold157:41103:57607:1 gene:BGLB005622	-21	-24,9
bgl-miR-184-3p	BGLB006210-PB: cathepsin L1-like [Bgl]	GO:0006508 GO:0008234	Scaffold17482:2707:4550:1 gene:BGLB006210	-22	-23,2
bgl-miR-184-3p	BGLB008798-PB: alpha-amylase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004556 GO:0005975 GO:0043169 GO:0103025	Scaffold322:187910:200896:1 gene:BGLB008798	-24	-25,7
bgl-miR-184-3p	BGLB009082-PB: probable serine carboxypeptidase CPVL [Bgl]	GO:0004185 GO:0006508	Scaffold3425:24449:25741:1 gene:BGLB009082	-23	-27,9

bgl-miR-184-3p	BGLB009253-PB: ADP-ribosylation factor-like protein 3 [Bgl]	GO:000525 GO:0005622	Scaffold3580:2365:26653:1 gene:BGLB009253	-20	-26,3
bgl-miR-184-3p	BGLB009866-PB: low quality protein: kinesin-associated protein 3-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515 GO:0005871 GO:0016021 GO:0019894	Scaffold44130:18128:33211:1 gene:BGLB009866	-19	-24,2
bgl-miR-184-3p	BGLB010332-PB: ankyrin repeat and SAM domain-containing protein 6-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4561:18293:34607:1 gene:BGLB010332	-23	-26,7
bgl-miR-184-3p	BGLB010729-PB: matrix metalloproteinase-9-like [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0008270 GO:0031012	Scaffold44967:434:6088:1 gene:BGLB010729	-18	-19,9
bgl-miR-184-3p	BGLB010877-PB: uncharacterized protein LOC106074818 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold51:27982:28085:1 gene:BGLB010877	-20	-24,4
bgl-miR-184-3p	BGLB011059-PB: adenosine deaminase AGSA-like [Bgl]	GO:0004000 GO:0005615 GO:0006154 GO:0019239	Scaffold4527:9535:27790:1 gene:BGLB011059	-21	-26,7
bgl-miR-184-3p	BGLB011085-PB: transmembrane protein 231-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5298:1223:9429:1 gene:BGLB011085	-20	-23,6
bgl-miR-184-3p	BGLB011087-PB: tectonic-2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold53:6752:32595:1 gene:BGLB011087	-18	-26,9
bgl-miR-184-3p	BGLB011497-PB: uncharacterized protein LOC106077152 isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold556:168292:179536:1 gene:BGLB011497	-18	-23,1
bgl-miR-184-3p	BGLB013212-PB: zinc finger protein 37-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold779:111536:114496:1 gene:BGLB013212	-23	-25
bgl-miR-184-3p	BGLB013439-PB: ras-related protein Rab-15-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold8166:6088:12674:1 gene:BGLB013439	-26	-26,6
bgl-miR-184-3p	BGLB014304-PB: Bardet-Biedl syndrome 5 protein-like [Bgl]	GO:0034464	Scaffold972:130986:139659:1 gene:BGLB014304	-28	-28
bgl-miR-184-3p	BGLB016502-PA: carbohydrate sulfotransferase 11-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0008146 GO:0016021 GO:0016051	LG9i Scaffold325:123318:141196:1 gene:BGLB016502	-20	-24,4
bgl-miR-184-3p	BGLB016517-PA: liprin-alpha-1-like isoform X4 [Bgl]	GO:0005515 GO:0045202 GO:0050808	Scaffold317:73607:114392:1 gene:BGLB016517	-22	-25,3
bgl-miR-184-3p	BGLB016639-PA: kinesin-like protein KIF17 [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0005874 GO:0007018 GO:0008017	LG75i Scaffold257:151259:175705:1 gene:BGLB016639	-18	-21
bgl-miR-184-3p	BGLB016688-PA: collagen alpha-1(I) chain-like [Bgl]	GO:0005201 GO:0005515	LG24 Scaffold17:400851:441698:1 gene:BGLB016688	-32	-32,7
bgl-miR-184-3p	BGLB017861-PA: protein bicaudal C homolog 1-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0005515	LG22 Scaffold62:21396:44719:1 gene:BGLB017861	-22	-26,9
bgl-miR-184-3p	BGLB017886-PA: mucolipin-3-like [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold247:25624:46078:1 gene:BGLB017886	-21	-28,4
bgl-miR-184-3p	BGLB018260-PA: uncharacterized protein LOC106055044 [Bgl]	GO:0005509 GO:0007160 GO:0016021	LG24i Scaffold152:239753:294053:1 gene:BGLB018260	-20	-24,4
bgl-miR-184-3p	BGLB018265-PA: glutamate receptor ionotropic- NMDA 2B-like [Bgl]	GO:0004970 GO:0005216 GO:0005234 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0030054 GO:0038023 GO:0045211	LG4 Scaffold26:610881:714912:1 gene:BGLB018265	-31	-34,4
bgl-miR-184-3p	BGLB018521-PA: WD repeat-containing protein 60-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1922:25070:39112:1 gene:BGLB018521	-21	-23,6
bgl-miR-184-3p	BGLB018794-PA: uncharacterized protein LOC106055806 [Bgl]	GO:0043066	LG29 Scaffold49:62846:86738:1 gene:BGLB018794	-18	-21,3
bgl-miR-184-3p	BGLB018940-PA: uncharacterized protein LOC106064303 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1898:47471:50658:1 gene:BGLB018940	-22	-23,3
bgl-miR-184-3p	BGLB019849-PA: uncharacterized protein LOC106078145 [Bgl]	GO:0005813 GO:0007052 GO:0031122 GO:0097546 GO:1905515	LG11 Scaffold4:695562:710338:1 gene:BGLB019849	-20	-24,1
bgl-miR-184-3p	BGLB022975-PA: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold4319:82116:101937:1 gene:BGLB022975	-19	-26,9
bgl-miR-184-3p	BGLB023003-PA: orexin receptor type 2-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	LG2 Scaffold250:3686:15624:1 gene:BGLB023003	-19	-22,5
bgl-miR-184-3p	BGLB023434-PA: low quality protein: centrosomal protein of 57 kDa-like [Bgl]	GO:0008017 GO:0034453 GO:0042802 GO:0043015	Scaffold111:109733:131324:1 gene:BGLB023434	-19	-23,1
bgl-miR-184-3p	BGLB023782-PA: aminoacylase-1A-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016787	Scaffold881:126396:156411:1 gene:BGLB023782	-18	-21,5
bgl-miR-184-3p	BGLB023938-PD: nesprin-1-like isoform X6 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005635 GO:0034993 GO:0051015 GO:0090286	Scaffold3319:82171:98725:1 gene:BGLB023938	-23	-24,5
bgl-miR-184-3p	BGLB024044-PA: delta-like protein A [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2256:3844:8969:1 gene:BGLB024044	-15	-18,8
bgl-miR-184-3p	BGLB026047-PA: collagen alpha-1(II) chain-like [Bgl]	GO:0005201	LG20i Scaffold745:49756:67822:1 gene:BGLB026047	-23	-25,6
bgl-miR-184-3p	BGLB026252-PA: uncharacterized protein LOC106071284 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3652:4487:12884:1 gene:BGLB026252	-17	-21,9
bgl-miR-184-3p	BGLB026804-PA: fibronectin type 3 and ankyrin repeat domains 1 protein-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold122:482862:498456:1 gene:BGLB026804	-20	-22,4
bgl-miR-184-3p	BGLB026804-PB: fibronectin type 3 and ankyrin repeat domains 1 protein-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold122:482862:502320:1 gene:BGLB026804	-20	-22,4
bgl-miR-184-3p	BGLB026881-PA: epithelial membrane protein 1-like [Bgl]	GO:0016021	LG10i Scaffold1146:31550:35538:1 gene:BGLB026881	-22	-25,2
bgl-miR-184-3p	BGLB028009-PA: epithelial membrane protein 2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3618:3544:6666:1 gene:BGLB028009	-20	-26,9
bgl-miR-184-3p	BGLB028197-PA: stromelysin-1-like [Bgl]	GO:0046872	Scaffold558677:1919:6236:1 gene:BGLB028197	-18	-19,9
bgl-miR-184-3p	BGLB028846-PA: uncharacterized protein C45G9.7-like [Bgl]	GO:0005515	LG32i Scaffold5810:44896:52405:1 gene:BGLB028846	-25	-25,6
bgl-miR-184-3p	BGLB029284-PA: uncharacterized protein LOC106075955 isoform X2 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold454:86625:88523:1 gene:BGLB029284	-24	-26
bgl-miR-184-3p	BGLB030511-PA: prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1-like isoform X1 [Bgl]	GO:004656 GO:0005506 GO:0005515 GO:0005783 GO:0016491 GO:0016702 GO:0016705 GO:0031418 GO:0055114	Scaffold83:628749:646712:1 gene:BGLB030511	-21	-25,4
bgl-miR-184-3p	BGLB030747-PA: uncharacterized protein LOC106079772 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold662:119672:130031:1 gene:BGLB030747	-21	-26,6
bgl-miR-184-3p	BGLB032236-PA: 17-beta-hydroxysteroid dehydrogenase type 6-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold171:66100:67998:1 gene:BGLB032236	-19	-25,4
bgl-miR-184-3p	BGLB032540-PA: multiple epidermal growth factor-like domains protein 10 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold344:47144:60570:1 gene:BGLB032540	-23	-28,2
bgl-miR-184-3p	BGLB032754-PA: uncharacterized protein LOC106065657 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2109:11973:21747:1 gene:BGLB032754	-25	-25,5
bgl-miR-184-3p	BGLB034176-PA: uncharacterized protein LOC106077705 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold563239:1516:3509:1 gene:BGLB034176	-22	-25,1
bgl-miR-184-3p	BGLB037028-PA: uncharacterized protein LOC106075519 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	Scaffold534192:596:4159:1 gene:BGLB037028	-22	-25,4
bgl-miR-184-3p	BGLB037123-PA: uncharacterized protein LOC106053162 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold917:75144:91445:1 gene:BGLB037123	-19	-23,4
bgl-miR-184-3p	BGLB037123-PB: uncharacterized protein LOC106053162 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold917:71615:91445:1 gene:BGLB037123	-19	-23,4
bgl-miR-184-3p	BGLB037602-PA: uncharacterized protein LOC106065594 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	Scaffold21:228551:235074:1 gene:BGLB037602	-21	-23,8
bgl-miR-184-3p	BGLB037844-PA: intraflagellar transport protein 46 homolog isoform X2 [Bgl]	GO:0005929 GO:0042073	Scaffold1579:25049:47402:1 gene:BGLB037844	-22	-23,5
bgl-miR-184-3p	BGLB037844-PE: intraflagellar transport protein 46 homolog isoform X5 [Bgl]	GO:0005929 GO:0042073	Scaffold1579:25049:33774:1 gene:BGLB037844	-22	-23,5
bgl-miR-184-3p	BGLB038256-PA: RNA polymerase-associated protein LEO1-like [Bgl]	GO:0005509	Scaffold5872:1384:16028:1 gene:BGLB038256	-25	-28,2
bgl-miR-184-3p	BGLB038282-PA: tetratricopeptide repeat protein 21B-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1067:55226:63832:1 gene:BGLB038282	-19	-22,2
bgl-miR-184-3p	BGLB039642-PA: uncharacterized protein LOC106067284 [Bgl]	GO:0005488	Scaffold2493:44191:50195:1 gene:BGLB039642	-18	-21,9

bgl-miR-184-3p	BGLB040173-PA: dynein heavy chain 12- axonemal-like [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0016887 GO:0030286	LG26 Scaffold138:304511:358318:1 gene:BGLB040173	-16	-21,8
bgl-miR-184-3p	BGLB040393-PA: fibril-forming collagen alpha chain-like [Bgl]	GO:0005201	LG24 Scaffold17:338414:379964:1 gene:BGLB040393	-22	-24,1
bgl-miR-184-5p	BGLB000043-PA: caspase-3-like [Bgl]	GO:0004197 GO:0006508 GO:0008234	LG2 Scaffold2161:26168:34420:1 gene:BGLB000043	-16	-22,9
bgl-miR-184-5p	BGLB000080-PB: apoptosis-inducing factor 1- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0016491 GO:0046983 GO:0050660 GO:0055114	Scaffold613:127394:136920:1 gene:BGLB000080	-15	-19
bgl-miR-184-5p	BGLB000114-PB: poly [ADP-ribose] polymerase 14-like [Bgl]	GO:0003950	LG29 Scaffold726:210339:218914:1 gene:BGLB000114	-15	-28,4
bgl-miR-184-5p	BGLB000148-PB: bcl-2-related ovarian killer protein homolog B-like [Bgl]	GO:0042981	LG80i Scaffold35:73494:80307:1 gene:BGLB000148	-21	-31,2
bgl-miR-184-5p	BGLB000189-PB: bcl-2 homologous antagonist/killer-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0042981 GO:0043065	LG7 Scaffold822:48269:53592:1 gene:BGLB000189	-23	-25,1
bgl-miR-184-5p	BGLB000665-PB: eukaryotic peptide chain release factor subunit 1 [Bgl]	GO:0003747 GO:0005737 GO:0006415	LG13 Scaffold41:901845:910721:1 gene:BGLB000665	-26	-28
bgl-miR-184-5p	BGLB000973-PB: poly(U)-binding-splicing factor PUF60-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	LG19i Scaffold3:137267:154323:1 gene:BGLB000973	-17	-21,5
bgl-miR-184-5p	BGLB000973-PC: poly(U)-binding-splicing factor PUF60-like isoform X3 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	LG19i Scaffold3:137267:149214:1 gene:BGLB000973	-17	-21,5
bgl-miR-184-5p	BGLB001291-PB: uncharacterized protein LOC106054926 [Bgl]	GO:0016021	LG24 Scaffold159:231293:254482:1 gene:BGLB001291	-16	-22,3
bgl-miR-184-5p	BGLB002329-PB: zinc finger protein 729-like [Bgl]	GO:0003676	LG3i Scaffold124:1064278:1067320:1 gene:BGLB002329	-23	-26,6
bgl-miR-184-5p	BGLB002340-PB: solute carrier family 13 member 5-like [Bgl]	GO:0005215 GO:0006814 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	LG3i Scaffold710:189300:196807:1 gene:BGLB002340	-19	-23,3
bgl-miR-184-5p	BGLB002722-PB: focal adhesion kinase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004672 GO:0004713 GO:0005524 GO:0005856 GO:0005925 GO:0006468 GO:0007172	LG4 Scaffold65:657054:688968:1 gene:BGLB002722	-23	-29,6
bgl-miR-184-5p	BGLB002734-PB: uncharacterized protein LOC106061108 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634	LG4 Scaffold70:294651:306406:1 gene:BGLB002734	-18	-23
bgl-miR-184-5p	BGLB002910-PB: ubiquitin-conjugating enzyme E2 L3-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016740	LG5 Scaffold1162:33200:39999:1 gene:BGLB002910	-16	-21,5
bgl-miR-184-5p	BGLB003581-PB: cation-dependent mannose-6-phosphate receptor-like [Bgl]	GO:0016021	LG8 Scaffold8340:17273:27666:1 gene:BGLB003581	-23	-27,2
bgl-miR-184-5p	BGLB003770-PB: uncharacterized protein LOC106057776 isoform X2 [Bgl]	GO:0000166 GO:0003676 GO:0003677 GO:0003887 GO:0006281 GO:0016035 GO:0019985	Scaffold10104:5138:45654:1 gene:BGLB003770	-20	-23
bgl-miR-184-5p	BGLB004345-PC: heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 87F-like isoform X3 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold114:428118:432181:1 gene:BGLB004345	-16	-28,1
bgl-miR-184-5p	BGLB004934-PB: hormone receptor 4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355 GO:0008270 GO:0043565	Scaffold1338:47868:58479:1 gene:BGLB004934	-24	-28,4
bgl-miR-184-5p	BGLB005994-PB: nedd8-conjugating enzyme Ubc12-like [Bgl]	GO:0005524	Scaffold16717:1170:2139:1 gene:BGLB005994	-21	-28,2
bgl-miR-184-5p	BGLB006418-PB: exportin-6-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005634	Scaffold181:313759:335774:1 gene:BGLB006418	-15	-24
bgl-miR-184-5p	BGLB007155-PB: liver carboxylesterase 2-like [Bgl]	GO:0016787	Scaffold2137:22249:27539:1 gene:BGLB007155	-18	-23,9
bgl-miR-184-5p	BGLB008861-PB: uncharacterized protein LOC106070245 isoform X2 [Bgl]	GO:0005085 GO:0005088 GO:0005622 GO:0007264	Scaffold3296:8471:26734:1 gene:BGLB008861	-19	-22,4
bgl-miR-184-5p	BGLB009201-PB: ADP-ribosylation factor-like protein 15 [Bgl]	GO:0005525 GO:0005622	Scaffold353:168563:174301:1 gene:BGLB009201	-25	-26,6
bgl-miR-184-5p	BGLB009249-PB: carboxypeptidase B-like [Bgl]	GO:0004181 GO:0006508 GO:0008270	Scaffold3572:2733:17342:1 gene:BGLB009249	-18	-24,2
bgl-miR-184-5p	BGLB009871-PB: enteropeptidase-like [Bgl]	GO:0016020	Scaffold414:18821:73462:1 gene:BGLB009871	-19	-27,4
bgl-miR-184-5p	BGLB010540-PB: low quality protein: mitogen-activated protein kinase kinase kinase 13-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold4795:2794:24444:1 gene:BGLB010540	-20	-27,5
bgl-miR-184-5p	BGLB011991-PB: probable deferrochelataase/oxidase YfeX [Bgl]	GO:0004601 GO:0020037 GO:0055114	Scaffold60:619349:626832:1 gene:BGLB011991	-16	-20,2
bgl-miR-184-5p	BGLB012254-PB: ankyrin repeat and protein kinase domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold6307:42424:49665:1 gene:BGLB012254	-23	-25,1
bgl-miR-184-5p	BGLB012451-PB: dTDP-glucose 4-6-dehydratase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0050662	Scaffold6612:8828:11690:1 gene:BGLB012451	-16	-22
bgl-miR-184-5p	BGLB012980-PB: serine/arginine repetitive matrix protein 2-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold74:376855:393564:1 gene:BGLB012980	-17	-26
bgl-miR-184-5p	BGLB013516-PB: NADH-cytochrome b5 reductase 3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004128 GO:0016021 GO:0016491 GO:0055114	Scaffold828:44108:49963:1 gene:BGLB013516	-19	-22,4
bgl-miR-184-5p	BGLB013516-PC: NADH-cytochrome b5 reductase 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004128 GO:0016021 GO:0016491 GO:0055114	Scaffold828:40624:49963:1 gene:BGLB013516	-19	-22,4
bgl-miR-184-5p	BGLB013807-PB: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold873:24048:33453:1 gene:BGLB013807	-31	-23
bgl-miR-184-5p	BGLB016353-PA: LIM/homeobox protein Lhx9-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565 GO:0046872	LG7 Scaffold730:64361:156143:1 gene:BGLB016353	-19	-21,4
bgl-miR-184-5p	BGLB016381-PA: secreted frizzled-related protein 5-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007275 GO:0016055	Scaffold209:20065:42473:1 gene:BGLB016381	-61	-20,3
bgl-miR-184-5p	BGLB016626-PA: HRAS-like suppressor 2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold898:5655:12228:1 gene:BGLB016626	-16	-19,2
bgl-miR-184-5p	BGLB016707-PA: ADP-dependent glucokinase-like [Bgl]	GO:0005975 GO:0016773	LG8 Scaffold175:213872:229021:1 gene:BGLB016707	-19	-23,1
bgl-miR-184-5p	BGLB016829-PA: zinc finger protein 665-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold3537:17348:18574:1 gene:BGLB016829	-24	-28,4
bgl-miR-184-5p	BGLB017158-PA: multidrug resistance-associated protein 1-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016021 GO:0016887 GO:0022857 GO:0042626 GO:0055085	Scaffold445:328778:365878:1 gene:BGLB017158	-17	-21,5
bgl-miR-184-5p	BGLB017469-PA: kelch-like protein 5 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold3212:11664:33103:1 gene:BGLB017469	-18	-24
bgl-miR-184-5p	BGLB017530-PA: uncharacterized protein LOC106070684 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3422:45506:46922:1 gene:BGLB017530	-34	-22,5
bgl-miR-184-5p	BGLB017642-PA: metabotropic glutamate receptor 3-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold274:86794:93293:1 gene:BGLB017642	-20	-25
bgl-miR-184-5p	BGLB017695-PA: MAM and LDL-receptor class A domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0008270 GO:0016020	LG2 Scaffold250:215063:244690:1 gene:BGLB017695	-19	-24,1
bgl-miR-184-5p	BGLB018081-PA: galactose-3-O-sulfotransferase 2-like [Bgl]	GO:0001733 GO:0005794 GO:0009247 GO:0016021	LG78i Scaffold227:9074:10420:1 gene:BGLB018081	-18	-22,6
bgl-miR-184-5p	BGLB018098-PA: heat shock protein 70 A1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005524	LG46i Scaffold267:331195:333087:1 gene:BGLB018098	-17	-21,8
bgl-miR-184-5p	BGLB018098-PB: heat shock protein 70 A1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005524	LG46i Scaffold267:331195:340569:1 gene:BGLB018098	-17	-21,8
bgl-miR-184-5p	BGLB018508-PA: sodium- and chloride-dependent neutral and basic amino acid transporter B(0+)-like- partial [Bgl]	GO:0005328 GO:0006836 GO:0016021	Scaffold2665:2106:13906:1 gene:BGLB018508	-18	-24,5
bgl-miR-184-5p	BGLB019457-PA: uncharacterized protein LOC106075319 [Bgl]	GO:0016021	LG8 Scaffold422:213906:225065:1 gene:BGLB019457	-18	-22,5
bgl-miR-184-5p	BGLB019721-PA: uncharacterized protein LOC106056352 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG48i Scaffold305:156521:158140:1 gene:BGLB019721	-17	-24,1
bgl-miR-184-5p	BGLB020662-PA: glycine N-acyltransferase-like protein Keg1 [Bgl]	GO:0005739 GO:0047961	LG36i Scaffold552:128587:132313:1 gene:BGLB020662	-17	-21,4



bgl-miR-1984-5p	BGLB021484-PA: uncharacterized protein LOC106054033 [Bgl]	GO:0009607 GO:0016021	LG17 Scaffold935:116269:116955:1 gene:BGLB021484	-18	-24,1
bgl-miR-1984-5p	BGLB022005-PA: acyl-coenzyme A thioesterase 8-like [Bgl]	GO:0006637 GO:0047617	Scaffold1290:11029:15595:1 gene:BGLB022005	-16	-21,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB022344-PA: putative glycerol-3-phosphate transporter 5 [Bgl]	GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold243:17764:26732:1 gene:BGLB022344	-24	-28,4
bgl-miR-1984-5p	BGLB022615-PA: neuroblastoma-amplified sequence-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0006890	LG8 Scaffold457:88711:134211:1 gene:BGLB022615	-15	-25,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB023453-PA: uncharacterized protein LOC106060656- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	Scaffold13849:300:9430:1 gene:BGLB023453	-17	-26,1
bgl-miR-1984-5p	BGLB024293-PA: uncharacterized protein LOC106051901 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold812:12177:13217:1 gene:BGLB024293	-21	-28,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB024542-PA: uncharacterized protein LOC106055768 [Bgl]	GO:0030246	LG29 Scaffold431:172181:176144:1 gene:BGLB024542	-16	-19,7
bgl-miR-1984-5p	BGLB024812-PB: nuclear distribution protein nudeE-like 1-B isoform X1 [Bgl]	GO:2000574	Scaffold51:235998:243865:1 gene:BGLB024812	-17	-25,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB024812-PC: nuclear distribution protein nudeE-like 1-A isoform X2 [Bgl]	GO:2000574	Scaffold51:235998:243865:1 gene:BGLB024812	-17	-25,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB024821-PA: uncharacterized protein LOC106060030 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1297:82376:84123:1 gene:BGLB024821	-20	-25,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB025605-PA: nuclear pore complex protein Nup93-like [Bgl]	GO:0005643 GO:0015031 GO:0016020 GO:0017056 GO:0051028	Scaffold567:179800:193005:1 gene:BGLB025605	-17	-24,9
bgl-miR-1984-5p	BGLB026419-PA: arrestin domain-containing protein 3-like [Bgl]	GO:0007165	Scaffold5123:40897:45802:1 gene:BGLB026419	-21	-27,8
bgl-miR-1984-5p	BGLB027271-PA: uncharacterized protein LOC106066503 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold23:700434:701822:1 gene:BGLB027271	-22	-27,9
bgl-miR-1984-5p	BGLB028044-PA: DNA ligase-like- partial [Bgl]	GO:0003909 GO:0003910 GO:0005524 GO:0006281 GO:0006310 GO:0051103	Scaffold5569:448:5007:1 gene:BGLB028044	-16	-18,3
bgl-miR-1984-5p	BGLB028383-PA: uncharacterized protein LOC106054858 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	LG24 Scaffold332:296230:297261:1 gene:BGLB028383	-24	-28,4
bgl-miR-1984-5p	BGLB028852-PA: AP-5 complex subunit zeta-1-like [Bgl]	GO:0044599	LG2 Scaffold1218:6594:20385:1 gene:BGLB028852	-16	-24
bgl-miR-1984-5p	BGLB029281-PA: neuronal acetylcholine receptor subunit alpha-6-like [Bgl]	GO:0006811 GO:0016021	Scaffold6579:908:4249:1 gene:BGLB029281	-19	-24,9
bgl-miR-1984-5p	BGLB029871-PA: ELL-associated factor 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0006355 GO:0032783	Scaffold6:253355:259589:1 gene:BGLB029871	-17	-22,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB029871-PC: ELL-associated factor 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0006355 GO:0032783	Scaffold6:252587:259589:1 gene:BGLB029871	-17	-22,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB029955-PA: zinc-binding alcohol dehydrogenase domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0008270 GO:0016491 GO:0055114	LG20 Scaffold40:258764:270702:1 gene:BGLB029955	-20	-24
bgl-miR-1984-5p	BGLB030248-PA: putative ankyrin repeat protein RF 0381 [Bgl]	GO:0005515	LG8i Scaffold101:190326:191759:1 gene:BGLB030248	-19	-22,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB030261-PA: uncharacterized protein LOC106078609 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6:720709:725070:1 gene:BGLB030261	-17	-23,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB031035-PA: DNA-binding protein inhibitor ID-2-like [Bgl]	GO:0046983	LG4 Scaffold220:202011:203840:1 gene:BGLB031035	-24	-23,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB031994-PA: uncharacterized protein LOC106054768 [Bgl]	GO:0003676	LG24 Scaffold476:45982:53071:1 gene:BGLB031994	-15	-21,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB032052-PB: serine incorporator 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1:641358:667403:1 gene:BGLB032052	-18	-24
bgl-miR-1984-5p	BGLB032516-PA: dolichylidiphosphatase 1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2032:41778:52647:1 gene:BGLB032516	-16	-24,3
bgl-miR-1984-5p	BGLB032663-PA: neuropeptide-like protein 30 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2:689372:692136:1 gene:BGLB032663	-20	-24,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB033063-PA: metaxin-1-like [Bgl]	GO:0005741 GO:0006626 GO:0016021	Scaffold1673:31097:39239:1 gene:BGLB033063	-22	-27,9
bgl-miR-1984-5p	BGLB033086-PA: SET and MYND domain-containing protein 5-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0046872	Scaffold1018:43866:52433:1 gene:BGLB033086	-22	-24,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB033657-PA: uncharacterized protein LOC106055645 [Bgl]	GO:0000139 GO:0008146 GO:0016021 GO:0016051	LG29 Scaffold14:957446:963876:1 gene:BGLB033657	-24	-28,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB033700-PA: uncharacterized protein LOC106060913 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold142:139665:144821:1 gene:BGLB033700	-15	-23,1
bgl-miR-1984-5p	BGLB034333-PA: aquaporin AQPAn.G-like [Bgl]	GO:0015267 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold34:815579:825885:1 gene:BGLB034333	-20	-25
bgl-miR-1984-5p	BGLB034924-PC: G protein-activated inward rectifier potassium channel 4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005242 GO:0006813 GO:0016021 GO:0034765	Scaffold983:100079:113387:1 gene:BGLB034924	-19	-24,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB035441-PA: sperm flagellar protein 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold835:40848:49741:1 gene:BGLB035441	-17	-23,7
bgl-miR-1984-5p	BGLB035717-PA: la-related protein 7-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0005634 GO:0006396 GO:1990904	Scaffold2394:1308:8545:1 gene:BGLB035717	-25	-26,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB036536-PA: uncharacterized protein LOC106078729 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold6015:5517:7349:1 gene:BGLB036536	-22	-26,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB036739-PA: uncharacterized protein LOC106078563 [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0016021 GO:0046872	Scaffold6:204035:227078:1 gene:BGLB036739	-18	-22,4
bgl-miR-1984-5p	BGLB037124-PA: 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase FabG-like [Bgl]	GO:0016491	Scaffold2243:10377:20309:1 gene:BGLB037124	-19	-23,1
bgl-miR-1984-5p	BGLB037136-PA: sodium-independent sulfate anion transporter-like [Bgl]	GO:0008271 GO:0008272 GO:0015116 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	LG25i Scaffold98:318611:343891:1 gene:BGLB037136	-16	-23,9
bgl-miR-1984-5p	BGLB037653-PA: acetylcholine receptor subunit alpha-like [Bgl]	GO:0004888 GO:0005216 GO:0005230 GO:0006811 GO:0016021 GO:0034220	LG21 Scaffold809:105095:116416:1 gene:BGLB037653	-18	-22,9
bgl-miR-1984-5p	BGLB037875-PA: multidrug resistance-associated protein 4-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016021 GO:0016887 GO:0042626 GO:0055085	Scaffold15:495321:503050:1 gene:BGLB037875	-24	-28,4
bgl-miR-1984-5p	BGLB038454-PA: uncharacterized protein LOC106070397 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3333:31902:34370:1 gene:BGLB038454	-19	-24,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB038552-PA: ras-related protein Rab-34-like- partial [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold7519:1292:13976:1 gene:BGLB038552	-20	-23,8
bgl-miR-1984-5p	BGLB038554-PA: ATPase family AAA domain-containing protein 5-like [Bgl]	GO:0005524	Scaffold3840:17082:44792:1 gene:BGLB038554	-20	-27,3
bgl-miR-1984-5p	BGLB038576-PA: protein phosphatase 1L-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004722 GO:0006470 GO:0043169 GO:0046872	LG29 Scaffold905:13745:22114:1 gene:BGLB038576	-24	-28,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB038747-PA: uncharacterized protein LOC106078936 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6125:7502:17500:1 gene:BGLB038747	-21	-24,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB038826-PA: synaptotagmin-15-like [Bgl]	GO:0005544 GO:0006887	Scaffold1265:78772:96514:1 gene:BGLB038826	-18	-23
bgl-miR-1984-5p	BGLB038839-PA: uncharacterized protein LOC106054249 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355	LG18 Scaffold2835:33619:39793:1 gene:BGLB038839	-20	-24,5
bgl-miR-1984-5p	BGLB039107-PA: uncharacterized protein LOC106078055 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5747:13207:30040:1 gene:BGLB039107	-26	-29,3
bgl-miR-1984-5p	BGLB039673-PA: uncharacterized protein LOC106073753 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	Scaffold464:155644:166340:1 gene:BGLB039673	-19	-26,2
bgl-miR-1984-5p	BGLB039958-PA: actin-binding protein IPP-like [Bgl]	GO:0005515	LG20i Scaffold824:77139:79318:1 gene:BGLB039958	-18	-22
bgl-miR-1984-5p	BGLB039999-PA: glycoprotein 3-alpha-L-fucosyltransferase A-like [Bgl]	GO:0006486 GO:0008417 GO:0016020 GO:0016021 GO:0032580	LG4 Scaffold16:460294:461007:1 gene:BGLB039999	-20	-24,8
bgl-miR-1984-5p	BGLB040088-PA: G patch domain and ankyrin repeat-containing protein 1 homolog [Bgl]	GO:0003676 GO:0005515	Scaffold294:248340:249425:1 gene:BGLB040088	-19	-23,1
bgl-miR-1984-5p	BGLB040100-PA: arginase-1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000050 GO:0004053 GO:0006525 GO:0016813 GO:0046872	Scaffold1386:29034:42351:1 gene:BGLB040100	-25	-30,6
bgl-miR-1984-5p	BGLB040100-PB: arginase-1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000050 GO:0004053 GO:0006525 GO:0016813 GO:0046872	Scaffold1386:29034:44766:1 gene:BGLB040100	-25	-30,6

bgl-miR-1984-5p	BGLB040100-PC: arginase-1-like isoform X2 [Bgl]	GO:000050 GO:0004053 GO:0006525 GO:0016813 GO:0046872	Scaffold1386:29034:42546:1 gene:BGLB040100	-25	-30,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000176-PB: thioredoxin domain-containing protein 16-like [Bgl]	GO:0005623 GO:0045454	LG78i Scaffold396:6739:24651:1 gene:BGLB000176	-36	-23
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000577-PB: transient receptor potential cation channel subfamily A member 1 homolog [Bgl]	GO:0005216 GO:0005515 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	LG11 Scaffold605:37515:65995:1 gene:BGLB000577	-16	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000704-PB: uncharacterized protein LOC106050717 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634	LG16i Scaffold158:173852:182295:1 gene:BGLB000704	-19	-23,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000718-PB: chromodomain-helicase-DNA-binding protein 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005524 GO:0005634	LG16i Scaffold213:20628:45788:1 gene:BGLB000718	-26	-17,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000718-PE: chromodomain-helicase-DNA-binding protein 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005524 GO:0005634	LG16i Scaffold213:20628:34279:1 gene:BGLB000718	-26	-17,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000853-PB: ectopic P granules protein 5 homolog [Bgl]	GO:0006914	LG17 Scaffold37:622880:663415:1 gene:BGLB000853	-19	-22
bgl-miR-1-a-3p	BGLB000879-PB: protein DD3-3-like- partial [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold460:718:10435:1 gene:BGLB000879	-18	-26,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB001632-PB: protein krueppel-like [Bgl]	GO:0003676	LG28i Scaffold608:197850:208414:1 gene:BGLB001632	-16	-20,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB001688-PB: filamin-A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	LG29 Scaffold27:488567:564519:1 gene:BGLB001688	-20	-16,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB002043-PB: serine/arginine-rich splicing factor 3-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	LG2 Scaffold66:283144:289897:1 gene:BGLB002043	-16	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB002159-PB: sterile alpha and TIR motif-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515 GO:0007165	LG33i Scaffold2002:4833:32474:1 gene:BGLB002159	-19	-23,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB002603-PB: digestive cysteine proteinase 2-like [Bgl]	GO:0006508 GO:0008234	LG4 Scaffold36:664282:671312:1 gene:BGLB002603	-16	-20,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB002729-PB: trimeric intracellular cation channel type B-A-like [Bgl]	GO:0005261 GO:0015672 GO:0016020 GO:0016021	LG4 Scaffold70:201676:206768:1 gene:BGLB002729	-15	-21,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB002962-PB: universal stress protein in QAH/OAS sulphydrylase 3'region-like [Bgl]	GO:0006950	LG5i Scaffold95:220930:225510:1 gene:BGLB002962	-18	-20,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB002980-PB: uncharacterized protein LOC106056566 [Bgl]	GO:0016788 GO:0016888	LG5i Scaffold95:695122:706193:1 gene:BGLB002980	-15	-20,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003054-PB: serine/threonine-protein phosphatase 4 regulatory subunit 1-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0007165 GO:0019888 GO:0030289 GO:0050790	LG6 Scaffold1244:13175:25924:1 gene:BGLB003054	-21	-16,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003142-PB: D-aspartate oxidase-like [Bgl]	GO:0003884 GO:0016491 GO:0046416 GO:0055114 GO:0071949	LG6 Scaffold888:91715:105742:1 gene:BGLB003142	-17	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003321-PB: ran-binding protein 9-like [Bgl]	GO:0005515	LG78i Scaffold63:170503:180136:1 gene:BGLB003321	-21	-25,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003452-PB: ADP-ribosylation factor 1 [Bgl]	GO:0005525 GO:0005622	LG8 Scaffold125:159621:161897:1 gene:BGLB003452	-17	-20,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003480-PB: inositol phosphoceramide mannosyltransferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG8 Scaffold135:320133:321562:1 gene:BGLB003480	-17	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003480-PC: inositol phosphoceramide mannosyltransferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG8 Scaffold135:320495:321562:1 gene:BGLB003480	-17	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003480-PD: inositol phosphoceramide mannosyltransferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG8 Scaffold135:319544:321562:1 gene:BGLB003480	-17	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003569-PB: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 11-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0016021 GO:0016757 GO:0030246	LG8 Scaffold691:76800:88066:1 gene:BGLB003569	-17	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003608-PB: Low quality protein: echinoderm microtubule-associated protein-like 6 [Bgl]	GO:0005515	LG8i Scaffold101:385903:412160:1 gene:BGLB003608	-36	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB003980-PB: mitochondrial folate transporter/carrier-like- partial [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1056:56652:60850:1 gene:BGLB003980	-17	-20,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB004163-PB: spermine oxidase-like [Bgl]	GO:0016491 GO:0055114	Scaffold1100:119548:126733:1 gene:BGLB004163	-16	-23,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB005052-PB: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp6-like [Bgl]	GO:0000413 GO:0003755	Scaffold1376:41677:45592:1 gene:BGLB005052	-18	-19
bgl-miR-1-a-3p	BGLB005058-PB: 5-hydroxytryptamine receptor 1D-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1379:24890:26305:1 gene:BGLB005058	-24	-18,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB005230-PB: uncharacterized protein LOC106061080 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1441:57586:63189:1 gene:BGLB005230	-25	-19,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB005478-PB: solute carrier family 28 member 3-like [Bgl]	GO:0005337 GO:0016020 GO:0016021 GO:1901642	Scaffold153:242557:258582:1 gene:BGLB005478	-22	-20,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006190-PB: phosphoacetylglucosamine mutase-like [Bgl]	GO:0000287 GO:0004610 GO:0005975 GO:0006048 GO:0016868 GO:0071704	Scaffold174:212023:223790:1 gene:BGLB006190	-17	-23,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006267-PB: uncharacterized protein LOC106063484 isoform X1 [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0008270	Scaffold177:238377:265548:1 gene:BGLB006267	-15	-19,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006267-PC: uncharacterized protein LOC106063484 isoform X2 [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0008270	Scaffold177:245019:265548:1 gene:BGLB006267	-15	-19,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006308-PC: calcyphosin-like protein isoform X2 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold178:356592:364490:1 gene:BGLB006308	-16	-20,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006481-PB: uncharacterized protein LOC106064006 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152 GO:0016021	Scaffold1840:36872:48371:1 gene:BGLB006481	-16	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006844-PB: sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-1-like [Bgl]	GO:0005890 GO:0006813 GO:0006814	Scaffold199:226866:238207:1 gene:BGLB006844	-41	-21,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB006845-PB: sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-1-like [Bgl]	GO:0005890 GO:0006813 GO:0006814	Scaffold199:238847:248734:1 gene:BGLB006845	-17	-21,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB007216-PB: 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase-like [Bgl]	GO:0003868 GO:0009072 GO:0016701 GO:0046872 GO:0055114	Scaffold2174:22582:30683:1 gene:BGLB007216	-16	-18,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB007287-PB: protocadherin gamma-B4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold2215:37680:46489:1 gene:BGLB007287	-17	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB007294-PB: uncharacterized protein F13E9.13- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold2223:52487:54632:1 gene:BGLB007294	-16	-18,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB007356-PB: diacylglycerol kinase zeta-like [Bgl]	GO:0003951 GO:0004143 GO:0005515 GO:0005524 GO:0005622 GO:0007165 GO:0007205 GO:0008152 GO:0016301 GO:0035556	Scaffold226:111049:153935:1 gene:BGLB007356	-19	-20,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB008041-PB: protocadherin-23-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold2724:2864:34944:1 gene:BGLB008041	-16	-19,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB008351-PB: TPR and ankyrin repeat-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0005524 GO:0046872	Scaffold292:207431:261070:1 gene:BGLB008351	-19	-21,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB008571-PB: tryptophan--tRNA ligase- cytoplasmic-like [Bgl]	GO:0000166 GO:0004812 GO:0004830 GO:0005524 GO:0005737 GO:0006418 GO:0006436	Scaffold307:189605:195220:1 gene:BGLB008571	-19	-23,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB008793-PB: pancreas transcription factor 1 subunit alpha-like [Bgl]	GO:0046983	Scaffold322:87669:88451:1 gene:BGLB008793	-33	-22,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB008878-PB: T-box protein VegT-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold33:551153:602505:1 gene:BGLB008878	-17	-20,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009087-PB: low quality protein: probable phospholipid-transporting ATPase VD [Bgl]	GO:0000166 GO:0000287 GO:0004012 GO:0005524 GO:0015914 GO:0016021	Scaffold3433:27375:50471:1 gene:BGLB009087	-18	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009092-PB: V-type proton ATPase catalytic subunit A-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0046034 GO:1902600	Scaffold3436:55647:63955:1 gene:BGLB009092	-16	-20,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009288-PB: fibrillin-1-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005515	Scaffold3616:56049:72497:1 gene:BGLB009288	-18	-19,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009363-PB: inositol hexakisphosphate and diphosphoinositol-pentakisphosphate kinase 2-like [Bgl]	GO:0000829	Scaffold368:207676:244074:1 gene:BGLB009363	-16	-21
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009641-PB: uncharacterized protein LOC106072015 [Bgl]	GO:0005525 GO:0016021	Scaffold39:519292:532832:1 gene:BGLB009641	-26	-20,1

bgl-miR-1-a-3p	BGLB009713-PB: uncharacterized protein LOC106072172 [Bgl]	GO:0009607 GO:0016021	Scaffold3960:15448:25712: 1 gene:BGLB009713	-26	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009777-PB: galanin receptor type 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold44026:43320:49648: 1 gene:BGLB009777	-15	-19,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB009785-PB: low quality protein: growth arrest-specific protein 8-like [Bgl]	GO:0031514 GO:0048870	Scaffold404:174697:182202: 1 gene:BGLB009785	-16	-21,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010115-PB: serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory ankyrin repeat subunit C-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold437:31682:57083: 1 gene:BGLB010115	-15	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010115-PC: serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory ankyrin repeat subunit C-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold437:31682:32479: 1 gene:BGLB010115	-15	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010146-PB: uncharacterized protein LOC106073205 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold440:134016:136457: 1 gene:BGLB010146	-16	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010201-PB: transmembrane protein 145-like [Bgl]	GO:0007186 GO:0016021 GO:0019236	Scaffold446:31757:47571: 1 gene:BGLB010201	-18	-20,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010443-PB: cytoplasmic phosphatidylinositol transfer protein 1-like [Bgl]	GO:0005548 GO:0005622 GO:0015914	Scaffold44694:3676:8267: 1 gene:BGLB010443	-18	-25,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010579-PB: MAGUK p55 subfamily member 6-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4818:9852:23522: 1 gene:BGLB010579	-43	-20,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB010879-PB: cadherin-23-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold51:391560:456028: 1 gene:BGLB010879	-34	-27
bgl-miR-1-a-3p	BGLB011414-PB: heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold551:148252:162502: 1 gene:BGLB011414	-18	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012011-PB: transcription factor HES-1-B-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355 GO:0046983	Scaffold601:126458:128253: 1 gene:BGLB012011	-19	-22,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012116-PB: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like- partial [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold66:1353:4657: 1 gene:BGLB012116	-19	-22
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012300-PB: protocadherin Fat 4-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold638:111030:143026: 1 gene:BGLB012300	-19	-22,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012306-PB: neurogenic locus notch homolog protein 1-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005576 GO:0006030 GO:0008061	Scaffold6390:1343:23844: 1 gene:BGLB012306	-21	-23,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012522-PB: transmembrane emp24 domain-containing protein eca-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005789 GO:0016021	Scaffold67:312895:317603: 1 gene:BGLB012522	-27	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012719-PB: tyrosine-protein kinase Fer-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004713 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold699:80156:104468: 1 gene:BGLB012719	-20	-24,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012878-PB: aquaporin-2-like [Bgl]	GO:0015267 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold7247:6307:11351: 1 gene:BGLB012878	-32	-22,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB012901-PB: palmitoyltransferase ZDHHC18-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021 GO:0019706	gene:BGLB012901	-17	-22,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB013132-PB: solute carrier family 25 member 40-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold762:55594:65795: 1 gene:BGLB013132	-17	-20,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB013215-PB: alpha-L-fucosidase-like [Bgl]	GO:0004560 GO:0005975 GO:0006004	Scaffold78:62251:70071: 1 gene:BGLB013215	-19	-23
bgl-miR-1-a-3p	BGLB013428-PB: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 5-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0016021 GO:0016757 GO:0030246	Scaffold814:88495:97617: 1 gene:BGLB013428	-17	-21,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB014046-PB: gastrula zinc finger protein XICGF52.1-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold919:114947:116179: 1 gene:BGLB014046	-16	-20,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB014103-PB: low quality protein: RNA-binding protein 12B-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold9263:7862:12821: 1 gene:BGLB014103	-15	-19,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB014267-PB: isochorismatase domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold964:69327:77770: 1 gene:BGLB014267	-16	-17,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB014429-PA: uncharacterized protein LOC106058823 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold112:314213:316392: 1 gene:BGLB014429	-27	-19,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB014429-PB: uncharacterized protein LOC106058823 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold112:312182:316392: 1 gene:BGLB014429	-27	-19,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB016340-PA: protein 4.1-like [Bgl]	GO:0005856 GO:0008092	Scaffold1708:28482:36696: 1 gene:BGLB016340	-30	-21,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB016472-PA: retrograde protein of 51 kDa isoform X1 [Bgl]	GO:0005198 GO:0005882	Scaffold1363:108727:132825: 1 gene:BGLB016472	-25	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB016494-PA: gamma-tubulin complex component 6-like [Bgl]	GO:0000226 GO:0000922 GO:0005815 GO:0007020 GO:0043015	Scaffold298:368103:403812: 1 gene:BGLB016494	-15	-19,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB016695-PA: glucosamine-6-phosphate isomerase 2-like [Bgl]	GO:0004342 GO:0005737 GO:0005975 GO:0006044	Scaffold15:594675:607108: 1 gene:BGLB016695	-17	-22,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017236-PA: galactocerebrosidase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003824 GO:0004336 GO:0006683 GO:0016021	LG16i Scaffold158:435003:487922: 1 gene:BGLB017236	-16	-20,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017386-PA: neurogenic locus notch homolog protein 2-like [Bgl]	GO:0005509	LG17 Scaffold1171:1147:8472: 1 gene:BGLB017386	-17	-22,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017401-PA: intersectin-1-like [Bgl]	GO:0005089 GO:0005509 GO:0005515 GO:0035023	Scaffold28:447434:485728: 1 gene:BGLB017401	-17	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017414-PA: zinc transporter 2-like isoform X4 [Bgl]	GO:0006812 GO:0008324 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold1234:10750:20248: 1 gene:BGLB017414	-15	-19,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017414-PB: zinc transporter 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0006812 GO:0008324 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold1234:10750:29678: 1 gene:BGLB017414	-15	-19,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017430-PA: rho-related protein racA-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005515 GO:0005525 GO:0005622 GO:0007264	Scaffold16078:2400:12902: 1 gene:BGLB017430	-19	-22,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017525-PA: unconventional myosin-XV-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003774 GO:0003777 GO:0003779 GO:0005515 GO:0005524 GO:0005856 GO:0007018 GO:0007605 GO:0008017 GO:0016459	LG2 Scaffold244:77441:164967: 1 gene:BGLB017525	-18	-23,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017525-PB: unconventional myosin-XV-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005856	LG2 Scaffold244:122944:164967: 1 gene:BGLB017525	-18	-23,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB017638-PA: neural-cadherin-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1659:39031:52274: 1 gene:BGLB017638	-22	-17,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB018200-PA: uncharacterized protein LOC106054753 [Bgl]	GO:0016021	LG24 Scaffold261:142360:149022: 1 gene:BGLB018200	-16	-19,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB018475-PA: DNA polymerase delta subunit 4-like [Bgl]	GO:0005634 GO:0006260	Scaffold2448:19058:39603: 1 gene:BGLB018475	-17	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB019190-PA: protein sidekick-2-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold88:408230:445090: 1 gene:BGLB019190	-28	-22,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB019404-PA: putative aldehyde oxidase-like protein [Bgl]	GO:0016491 GO:0055114	Scaffold157:396702:419090: 1 gene:BGLB019404	-17	-21,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB019475-PA: trans-Golgi network integral membrane protein 1-like [Bgl]	GO:0005802 GO:0016021	Scaffold3777:20193:24514: 1 gene:BGLB019475	-18	-23,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB019490-PA: uncharacterized protein LOC106060480 [Bgl]	GO:0009607 GO:0016021	Scaffold1361:40563:43746: 1 gene:BGLB019490	-33	-17,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB019925-PA: syntaxin-7-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005484 GO:0005622 GO:0006886 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016192	Scaffold2:373375:382587: 1 gene:BGLB019925	-18	-19,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB019925-PB: syntaxin-7-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005484 GO:0005622 GO:0006886 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016192	Scaffold2:373375:381000: 1 gene:BGLB019925	-18	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB020430-PA: dyslexia-associated protein KIAA0319-like protein [Bgl]	GO:0016021	LG46i Scaffold336:79110:90556: 1 gene:BGLB020430	-15	-18,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB020816-PA: uncharacterized protein LOC106070379 [Bgl]	GO:0009086 GO:0046522	LG2 Scaffold66:132732:155632: 1 gene:BGLB020816	-20	-22,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB021381-PA: uncharacterized protein LOC106079986 isoform X2 [Bgl]	GO:0005164 GO:0005515 GO:0006955 GO:0016020	Scaffold674:68323:79826: 1 gene:BGLB021381	-17	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB021437-PA: renin receptor-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0038023	Scaffold735:114403:116792: 1 gene:BGLB021437	-15	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB021974-PA: complexin-like [Bgl]	GO:0006836 GO:0019905	Scaffold2822:24336:47964: 1 gene:BGLB021974	-25	-18,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB022083-PA: uncharacterized protein LOC106061604 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold153:172959:181558: 1 gene:BGLB022083	-17	-19,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB022094-PA: two pore calcium channel protein 1-like [Bgl]	GO:0005216 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	LG8i Scaffold101:160197:178342: 1 gene:BGLB022094	-55	-21,1

bgl-miR-1-a-3p	BGLB022149-PA: monocarboxylate transporter 2-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold342:169340:186707: 1 gene:BGLB022149	-18	-21,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB022233-PA: proton-coupled folate transporter-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold54:250407:259610:1 gene:BGLB022233	-15	-22,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB022276-PA: protein dispatched homolog 1-like [Bgl]	GO:0007224 GO:0016021	Scaffold3515:2127:19382:1 gene:BGLB022276	-18	-22,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB022570-PA: ankyrin-3-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold322:303083:321347: 1 gene:BGLB022570	-16	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB022851-PC: girdin-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016055	Scaffold1178:18722:44580: 1 gene:BGLB022851	-23	-20,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB023334-PA: monocarboxylate transporter 9-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold379:29085:40042:1 gene:BGLB023334	-15	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB023938-PA: nesprin-1-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005635 GO:0016021 GO:0034993 GO:0051015 GO:0090286	Scaffold319:81951:98725: 1 gene:BGLB023938	-15	-19,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024004-PA: zinc finger CCHC-type and RNA-binding motif-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0008270	Scaffold4692:729:2198:1 gene:BGLB024004	-16	-18,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024030-PA: uncharacterized protein LOC106073046 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4306:21075:24922: 1 gene:BGLB024030	-24	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024038-PA: kelch-like protein 6 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold9905:911:3103:1 gene:BGLB024038	-15	-18,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024189-PA: low quality protein: G-protein coupled receptor 98-like [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007154 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016021	LG8 Scaffold328:73108:133911:1 gene:BGLB024189	-19	-23,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024200-PA: uncharacterized protein LOC106058771 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1116:54429:67726:1 gene:BGLB024200	-30	-21,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024318-PA: neuroglian-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold386:153925:185062:1 gene:BGLB024318	-30	-20,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024887-PA: uncharacterized protein LOC106056815 [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold4432:137388:143546: 1 gene:BGLB024887	-15	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024940-PA: ras-related protein Rac1-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	LG78i Scaffold890:54135:61852:1 gene:BGLB024940	-18	-22,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB024998-PA: cyclicin-1-like [Bgl]	GO:0016491 GO:0055114	Scaffold19217:678:1385:1 gene:BGLB024998	-20	-24,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB025589-PB: uncharacterized protein LOC106054642 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG21 Scaffold454:23309:27090: 1 gene:BGLB025589	-27	-20,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB025589-PC: uncharacterized protein LOC106054642 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG21 Scaffold454:23309:33851: 1 gene:BGLB025589	-27	-20,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB025596-PA: uncharacterized protein LOC106065496 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold208:287672:288726:1 gene:BGLB025596	-21	-17,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB026836-PA: probable thiopurine S-methyltransferase isoform X2 [Bgl]	GO:0008119 GO:0008757	Scaffold562:38027:43565: 1 gene:BGLB026836	-31	-20,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB026836-PB: probable thiopurine S-methyltransferase isoform X1 [Bgl]	GO:0008119 GO:0008757	Scaffold562:38027:43166: 1 gene:BGLB026836	-31	-20,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB026836-PC: probable thiopurine S-methyltransferase isoform X1 [Bgl]	GO:0008119 GO:0008757	Scaffold562:38027:43995: 1 gene:BGLB026836	-31	-20,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB027147-PA: mitogen-activated protein kinase kinase kinase 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold150:98442:114833: 1 gene:BGLB027147	-16	-21
bgl-miR-1-a-3p	BGLB027218-PA: uncharacterized protein LOC106059023 isoform X4 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold8:120215:133073:1 gene:BGLB027218	-16	-21,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB027829-PA: gelsolin-like protein 2 [Bgl]	GO:0051015	Scaffold4339:9589:18741:1 gene:BGLB027829	-19	-23,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB028420-PA: uncharacterized protein LOC106070970 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold353:182639:185281: 1 gene:BGLB028420	-25	-18
bgl-miR-1-a-3p	BGLB028592-PA: uncharacterized protein LOC106056567 [Bgl]	GO:0005488 GO:0016021	LG5i Scaffold95:727728:735249:1 gene:BGLB028592	-15	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB028962-PA: uncharacterized protein LOC106073034 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold4300:12222:22349:1 gene:BGLB028962	-18	-21,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB029892-PA: cyclic AMP-dependent transcription factor ATF-6 alpha-like [Bgl]	GO:0003700 GO:0005634 GO:0005789 GO:0006355 GO:0030968 GO:0035497 GO:0045944	LG10 Scaffold77:424194:455251: 1 gene:BGLB029892	-16	-21,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB030016-PA: pyridoxal kinase-like [Bgl]	GO:0008478 GO:0009443	Scaffold55:344608:351609:1 gene:BGLB030016	-16	-20,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB030075-PA: E3 ubiquitin-protein ligase DTX4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0008270 GO:0046872	LG33i Scaffold1032:2173:30093:1 gene:BGLB030075	-30	-22
bgl-miR-1-a-3p	BGLB030075-PB: E3 ubiquitin-protein ligase DTX4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0008270 GO:0046872	LG33i Scaffold1032:2173:30093:1 gene:BGLB030075	-30	-22
bgl-miR-1-a-3p	BGLB030193-PA: extensin-like [Bgl]	GO:0016021	LG37 Scaffold216:365380:383467: 1 gene:BGLB030193	-42	-23,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB030350-PA: syntaxin-binding protein 5-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021 GO:0016192	Scaffold1096:8317:98563: 1 gene:BGLB030350	-28	-20
bgl-miR-1-a-3p	BGLB031047-PA: DNA damage-inducible transcript 4-like protein [Bgl]	GO:0005737 GO:0009968	LG25i Scaffold498:157450:160458:1 gene:BGLB031047	-16	-21,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB031371-PA: maleylacetoacetate isomerase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0005515 GO:0005737 GO:0009072	Scaffold3083:21930:26048:1 gene:BGLB031371	-19	-22,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB031371-PB: maleylacetoacetate isomerase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003824 GO:0005515 GO:0005737 GO:0009072	Scaffold3083:20813:26048:1 gene:BGLB031371	-19	-22,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB033132-PA: fibroblast growth factor receptor 4-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004713 GO:0005524 GO:0006468 GO:0016021	Scaffold1173:76083:83110:1 gene:BGLB033132	-15	-19
bgl-miR-1-a-3p	BGLB033196-PA: uncharacterized protein LOC106060104 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold131:214942:221830: 1 gene:BGLB033196	-37	-23,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB033338-PA: protein inturnd-like [Bgl]	GO:0005515	LG74i Scaffold326:245614:260220:1 gene:BGLB033338	-38	-25,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB033939-PB: disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 17-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0016021 GO:0046872	Scaffold889:98257:126441: 1 gene:BGLB033939	-15	-19,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034068-PA: uncharacterized protein LOC106066092 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4204:8897:24776: 1 gene:BGLB034068	-23	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034469-PA: uncharacterized protein KIAA2026-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	LG20 Scaffold198:274383:292742:1 gene:BGLB034469	-17	-20,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034645-PA: hemopexin-like [Bgl]	GO:0046872	Scaffold27890:183:1650: 1 gene:BGLB034645	-30	-19,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034791-PA: CDGSH iron-sulfur domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0043231 GO:0051537	Scaffold182:205385:211776: 1 gene:BGLB034791	-16	-20,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034882-PA: all-trans retinoic acid-induced differentiation factor-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold162:367053:371844:1 gene:BGLB034882	-19	-23,5
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034899-PA: serum paraoxonase/arylesterase 1-like [Bgl]	GO:0004064 GO:0016021	Scaffold1060:15611:19500:1 gene:BGLB034899	-15	-19,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB034921-PA: glycine- glutamate and proline-rich protein-like [Bgl]	GO:0003796 GO:0009253 GO:0016998	Scaffold2402:16146:26948:1 gene:BGLB034921	-15	-19,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB035268-PA: C3 and PZP-like alpha-2-macroglobulin domain-containing protein 8 [Bgl]	GO:0005576 GO:0005615 GO:0016021	Scaffold7577:8461:17057: 1 gene:BGLB035268	-35	-21,4
bgl-miR-1-a-3p	BGLB035499-PA: disrupted in renal carcinoma protein 2 homolog [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3905:10788:19049:1 gene:BGLB035499	-18	-22,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB035606-PA: ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 32-like [Bgl]	GO:0006511 GO:0016579 GO:0036459	Scaffold4205:9901:16169:1 gene:BGLB035606	-15	-18,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB035910-PA: uncharacterized protein LOC106079455 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold6421:3183:12847: 1 gene:BGLB035910	-15	-21,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB036382-PA: neuroglian-like [Bgl]	GO:0005515	LG17 Scaffold4928:9601:22745:1 gene:BGLB036382	-17	-22,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB036403-PA: uncharacterized protein LOC106072806 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4219:15642:20291:1 gene:BGLB036403	-16	-20,5

bgl-miR-1-a-3p	BGLB036752-PA: sterile alpha motif domain-containing protein 9-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold2494:37333:41025:1 gene:BGLB036752	-15	-18,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB037608-PA: F-box/LRR-repeat protein 15-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold7997:3707:10222:1 gene:BGLB037608	-15	-19,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB037717-PA: uncharacterized protein LOC106060102 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold16:1093940:1100093:1 gene:BGLB037717	-15	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB037717-PC: uncharacterized protein LOC106060102 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold16:1093940:1102821:1 gene:BGLB037717	-15	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB037721-PA: zinc transporter ZIP1-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0030001 GO:0046873 GO:0055085	Scaffold528:147298:148476:1 gene:BGLB037721	-16	-20,7
bgl-miR-1-a-3p	BGLB037847-PA: CKLF-like MARVEL transmembrane domain-containing protein 4 [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021	LG24 Scaffold788:141266:144878:1 gene:BGLB037847	-24	-21,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB038198-PB: transmembrane channel-like protein 5 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold287:226656:251322:1 gene:BGLB038198	-16	-20,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB038597-PA: calpain-3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004198 GO:0005509 GO:0005622 GO:0006508	Scaffold5835:3798:16757:1 gene:BGLB038597	-31	-18,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039037-PA: uncharacterized protein LOC106059047 isoform X1 [Bgl]	GO:0016579 GO:0036459	Scaffold1153:23164:65895:1 gene:BGLB039037	-53	-24,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039071-PA: uncharacterized protein LOC106055820 isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0006355	LG29 Scaffold49:588687:611595:1 gene:BGLB039071	-15	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039071-PB: uncharacterized protein LOC106055820 isoform X3 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0006355	LG29 Scaffold49:588687:607018:1 gene:BGLB039071	-15	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039071-PC: uncharacterized protein LOC106055820 isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0006355	LG29 Scaffold49:588687:610529:1 gene:BGLB039071	-15	-19,2
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039126-PA: transmembrane emp24 domain-containing protein 7-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold298:191974:198589:1 gene:BGLB039126	-17	-20,8
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039608-PA: transmembrane protein 62-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold23242:711:2263:1 gene:BGLB039608	-16	-20,9
bgl-miR-1-a-3p	BGLB039716-PA: type-1 angiotensin II receptor-associated protein-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0038166	Scaffold915:75634:78330:1 gene:BGLB039716	-19	-25,1
bgl-miR-1-a-3p	BGLB040182-PA: peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003997 GO:0005777 GO:0006631 GO:0006635 GO:0016627 GO:0055114 GO:0071949	Acyl coenzyme A oxidase protein coding LG24 Scaffold1741:6511:26026:1 gene:BGLB040182	-17	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB040182-PB: peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003997 GO:0005777 GO:0006631 GO:0006635 GO:0016627 GO:0055114 GO:0071949	Acyl coenzyme A oxidase protein coding LG24 Scaffold1741:4304:26026:1 gene:BGLB040182	-17	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB040182-PC: peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003997 GO:0005777 GO:0006631 GO:0006635 GO:0016627 GO:0055114 GO:0071949	Acyl coenzyme A oxidase protein coding LG24 Scaffold1741:6288:26026:1 gene:BGLB040182	-17	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB040182-PF: peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003997 GO:0005777 GO:0006631 GO:0006635 GO:0016627 GO:0055114 GO:0071949	Acyl coenzyme A oxidase protein coding LG24 Scaffold1741:853:26026:1 gene:BGLB040182	-17	-22,3
bgl-miR-1-a-3p	BGLB040349-PA: RCC1 and BTB domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	LG29 Scaffold905:25282:37934:1 gene:BGLB040349	-18	-21,6
bgl-miR-1-a-3p	BGLB040411-PA: alpha-L-fucosidase-like [Bgl]	GO:0004560 GO:0005975 GO:0006004	Scaffold1079:34300:47619:1 gene:BGLB040411	-17	-19,8
bgl-miR-315-5p	BGLB000169-PB: caspase-3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004197 GO:0006508 GO:0008234	LG2 Scaffold250:121442:130508:1 gene:BGLB000169	-19	-15,6
bgl-miR-315-5p	BGLB000469-PB: NF-X1-type zinc finger protein NFXL1-like [Bgl]	GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0008270	LG10 Scaffold160:92607:103454:1 gene:BGLB000469	-23	-17,2
bgl-miR-315-5p	BGLB000581-PB: tubulin alpha-1A chain-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005200 GO:0005525 GO:0005737 GO:0005874 GO:0007017	Tubulin alpha chain protein coding LG11 Scaffold605:212418:242665:1 gene:BGLB000581	-18	-16,7
bgl-miR-315-5p	BGLB000829-PB: dynein heavy chain 12- axonemal-like [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0030286	LG17 Scaffold369:229983:295653:1 gene:BGLB000829	-18	-21,8
bgl-miR-315-5p	BGLB001083-PB: protein O-mannosyl-transferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000030 GO:0006493 GO:0016020 GO:0016021	LG20 Scaffold297:185283:210137:1 gene:BGLB001083	-24	-21,8
bgl-miR-315-5p	BGLB001251-PB: nuclear pore complex protein Nup98-Nup96-like [Bgl]	GO:0005643 GO:0006913 GO:0017056	LG22 Scaffold62:674655:702620:1 gene:BGLB001251	-16	-17,8
bgl-miR-315-5p	BGLB001684-PB: calmodulin-like protein 2 [Bgl]	GO:0005509	LG29 Scaffold27:202033:218275:1 gene:BGLB001684	-15	-25,6
bgl-miR-315-5p	BGLB001689-PB: rhomboid-related protein 4-like isoform X3 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0005515 GO:0005634 GO:0005737 GO:0006355 GO:0007165	LG29 Scaffold27:588178:596636:1 gene:BGLB001689	-15	-19,7
bgl-miR-315-5p	BGLB001689-PD: rhomboid-related protein 4-like isoform X4 [Bgl]	GO:0004252 GO:0016021	LG29 Scaffold27:588178:596569:1 gene:BGLB001689	-15	-19,7
bgl-miR-315-5p	BGLB002091-PB: nuclear factor NF-kappa-B p100 subunit-like [Bgl]	GO:0003723 GO:0004525 GO:0005515 GO:0006396 GO:0016075 GO:0016891 GO:0031047	LG2 Scaffold91:215041:234355:1 gene:BGLB002091	-17	-20,8
bgl-miR-315-5p	BGLB002125-PB: endoribonuclease Dicer-like [Bgl]	GO:0003723 GO:0004525 GO:0005515 GO:0006396 GO:0016075 GO:0016891 GO:0031047	LG33 Scaffold118:304037:321496:1 gene:BGLB002125	-19	-21,9
bgl-miR-315-5p	BGLB002602-PC: epidermal growth factor receptor substrate 15-like 1 isoform X4 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005515	LG4 Scaffold36:636866:655164:1 gene:BGLB002602	-24	-18,8
bgl-miR-315-5p	BGLB002654-PB: dedicator of cytokinesis protein 7-like- partial [Bgl]	GO:0005085 GO:0005622 GO:0007264	LG4 Scaffold46:676871:691639:1 gene:BGLB002654	-16	-18,4
bgl-miR-315-5p	BGLB002711-PB: transmembrane protein 8A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffold65:144767:154087:1 gene:BGLB002711	-23	-25,2
bgl-miR-315-5p	BGLB002961-PB: low quality protein: protein transport protein Sec61 subunit alpha isoform 2-like [Bgl]	GO:0015031 GO:0016020 GO:0016021	LG5i Scaffold95:200567:205987:1 gene:BGLB002961	-16	-19,7
bgl-miR-315-5p	BGLB003378-PB: carnitine O-acetyltransferase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016746	LG7 Scaffold359:99501:113695:1 gene:BGLB003378	-20	-16,7
bgl-miR-315-5p	BGLB003378-PC: carnitine O-acetyltransferase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016746	LG7 Scaffold359:99501:126258:1 gene:BGLB003378	-20	-16,7
bgl-miR-315-5p	BGLB003733-PB: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1000:91219:92352:1 gene:BGLB003733	-21	-24,8
bgl-miR-315-5p	BGLB003733-PC: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1000:76017:92352:1 gene:BGLB003733	-21	-24,8
bgl-miR-315-5p	BGLB003957-PD: integral membrane protein GPR155-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005622 GO:0016021 GO:0035556 GO:0055085	Scaffold105:366712:386502:1 gene:BGLB003957	-33	-17,1
bgl-miR-315-5p	BGLB004086-PB: kelch-like protein 8 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold108:378504:389173:1 gene:BGLB004086	-27	-18,5
bgl-miR-315-5p	BGLB004232-PB: leptin receptor overlapping transcript-like 1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold11117:17355:23134:1 gene:BGLB004232	-25	-21,7
bgl-miR-315-5p	BGLB004463-PB: carboxypeptidase D-like [Bgl]	GO:0004181 GO:0006508 GO:0008270 GO:0016021	Scaffold1173:113073:142360:1 gene:BGLB004463	-21	-16,9
bgl-miR-315-5p	BGLB004478-PB: nuclear inhibitor of protein phosphatase 1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1179:119:8702:1 gene:BGLB004478	-19	-22,7
bgl-miR-315-5p	BGLB004514-PB: presqualene diphosphate phosphatase-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1193:5132:6413:1 gene:BGLB004514	-16	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB004587-PB: arginyl-tRNA--protein transferase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004057 GO:0016598	Scaffold1211:49941:64366:1 gene:BGLB004587	-25	-18,1
bgl-miR-315-5p	BGLB004845-PB: galectin-4-like [Bgl]	GO:0030246	Scaffold1309:34423:45176:1 gene:BGLB004845	-25	-29,6
bgl-miR-315-5p	BGLB005125-PB: putative sodium-coupled neutral amino acid transporter 11 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold140:397081:408158:1 gene:BGLB005125	-15	-18,8
bgl-miR-315-5p	BGLB005262-PB: staphylococcal nuclease domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0016442 GO:0031047	Scaffold1451:24134:37471:1 gene:BGLB005262	-26	-22,9
bgl-miR-315-5p	BGLB005320-PB: probable ATP-dependent RNA helicase DDX58 [Bgl]	GO:0003676 GO:0005524	Scaffold147:128830:135756:1 gene:BGLB005320	-17	-20,9
bgl-miR-315-5p	BGLB005455-PB: serine/threonine-protein kinase NIM1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468 GO:0016021	Scaffold1519:24613:31524:1 gene:BGLB005455	-16	-19,5

bgl-miR-315-5p	BGLB005482-PB: cytochrome P450 3A29-like [Bgl]	GO:0004497 GO:0005506 GO:0016021 GO:0016705 GO:0020037 GO:0055114	Scaffold153:310613:329546:1 gene:BGLB005482	-26	-19
bgl-miR-315-5p	BGLB005525-PB: G patch domain-containing protein 3-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold1547:1649:10308:1 gene:BGLB005525	-16	-21,9
bgl-miR-315-5p	BGLB005569-PB: mannose-P-dolichol utilization defect 1 protein-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold156:235035:239404:1 gene:BGLB005569	-15	-19,4
bgl-miR-315-5p	BGLB005695-PB: 14-3-3-like protein [Bgl]	GO:0019904	Scaffold1582:42251:43018:1 gene:BGLB005695	-21	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB005767-PB: ankyrin homolog [Bgl]	GO:0005515	Scaffold15994:7697:9937:1 gene:BGLB005767	-25	-17,6
bgl-miR-315-5p	BGLB005914-PB: beta-galactosidase-like [Bgl]	GO:0004553 GO:0004565 GO:0005975	Scaffold1645:20493:35341:1 gene:BGLB005914	-17	-16,3
bgl-miR-315-5p	BGLB006248-PB: ankyrin and armadillo repeat-containing protein-like- partial [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	Scaffold1762:52785:61099:1 gene:BGLB006248	-23	-22,3
bgl-miR-315-5p	BGLB006506-PB: ras-like GTP-binding protein Rho1 [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525 GO:0005622 GO:0007264	Scaffold185:366624:372554:1 gene:BGLB006506	-15	-19,2
bgl-miR-315-5p	BGLB006514-PB: low quality protein: protein unc-45 homolog B-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	Scaffold1856:23080:42289:1 gene:BGLB006514	-25	-17,1
bgl-miR-315-5p	BGLB006611-PB: paramyosin-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003774 GO:0016459	Scaffold190:84786:100339:1 gene:BGLB006611	-27	-21,1
bgl-miR-315-5p	BGLB006722-PB: lambda-crystallin homolog [Bgl]	GO:0003857 GO:0006631 GO:0016491 GO:0055114	Scaffold192:33075:38020:1 gene:BGLB006722	-18	-19,3
bgl-miR-315-5p	BGLB006913-PB: arrestin domain-containing protein 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0007165	Scaffold20:627574:665932:1 gene:BGLB006913	-17	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB006913-PF: arrestin domain-containing protein 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0007165	Scaffold20:653535:665932:1 gene:BGLB006913	-17	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB007000-PB: uncharacterized protein LOC106065390 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186	Scaffold206:82334:84779:1 gene:BGLB007000	-17	-20,5
bgl-miR-315-5p	BGLB007004-PB: isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0000287 GO:0004449 GO:0005739 GO:0006099 GO:0016616 GO:0051287 GO:0055114	Scaffold206:129932:136778:1 gene:BGLB007004	-25	-21,5
bgl-miR-315-5p	BGLB007086-PB: inositol polyphosphate multikinase-like [Bgl]	GO:0016301 GO:0032958	Scaffold21:327893:334558:1 gene:BGLB007086	-17	-23,9
bgl-miR-315-5p	BGLB007355-PB: ER lumen protein-retaining receptor 2 isoform X2 [Bgl]	GO:0005789 GO:0006621 GO:0015031 GO:0016021 GO:0046923	Scaffold226:117831:123126:1 gene:BGLB007355	-16	-20,9
bgl-miR-315-5p	BGLB007355-PC: ER lumen protein-retaining receptor 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0005789 GO:0006621 GO:0015031 GO:0016021 GO:0046923	Scaffold226:117831:123137:1 gene:BGLB007355	-16	-20,9
bgl-miR-315-5p	BGLB007442-PB: non-lysosomal glucosylceramidase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004348 GO:0004553 GO:0006680 GO:0016020	Scaffold2301:24843:49087:1 gene:BGLB007442	-23	-19,5
bgl-miR-315-5p	BGLB008050-PB: innexin unc-9-like [Bgl]	GO:0005886 GO:0005921 GO:0006811 GO:0016021	Scaffold273:275008:300354:1 gene:BGLB008050	-26	-19,8
bgl-miR-315-5p	BGLB008234-PB: solute carrier family 52- riboflavin transporter- member 3-B-like [Bgl]	GO:0005887 GO:0032217 GO:0032218	Scaffold2842:332:5780:1 gene:BGLB008234	-16	-22
bgl-miR-315-5p	BGLB008342-PB: ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 7-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0016787	Scaffold2914:44535:56216:1 gene:BGLB008342	-19	-18,5
bgl-miR-315-5p	BGLB008991-PB: 5-hydroxytryptamine receptor-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold337:319042:339078:1 gene:BGLB008991	-17	-19
bgl-miR-315-5p	BGLB009148-PB: germinal-center associated nuclear protein-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold349:167965:198742:1 gene:BGLB009148	-16	-16,9
bgl-miR-315-5p	BGLB009338-PB: galectin-6-like [Bgl]	GO:0030246	Scaffold3659:16235:29653:1 gene:BGLB009338	-16	-20
bgl-miR-315-5p	BGLB009414-PB: low quality protein: zinc finger protein 16-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0005515	Scaffold373:132543:138311:1 gene:BGLB009414	-19	-22,6
bgl-miR-315-5p	BGLB009415-PB: atrial natriuretic peptide-converting enzyme-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004252 GO:0005515 GO:0006508 GO:0016021	Scaffold373:171883:189629:1 gene:BGLB009415	-15	-21,9
bgl-miR-315-5p	BGLB009566-PB: bone morphogenetic protein receptor type-1B-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004675 GO:0005524 GO:0006468 GO:0007178 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold386:7203:15599:1 gene:BGLB009566	-24	-21,5
bgl-miR-315-5p	BGLB009571-PB: zinc finger protein OZF-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold3861:13886:16147:1 gene:BGLB009571	-23	-22,1
bgl-miR-315-5p	BGLB009605-PB: CD9 antigen-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3885:26037:53164:1 gene:BGLB009605	-15	-19,5
bgl-miR-315-5p	BGLB009874-PB: bifunctional coenzyme A synthase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004140 GO:0005524 GO:0009058 GO:0015937	Scaffold414:192415:198004:1 gene:BGLB009874	-18	-22
bgl-miR-315-5p	BGLB009887-PB: serine/arginine-rich splicing factor 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold415:194899:196779:1 gene:BGLB009887	-22	-18,7
bgl-miR-315-5p	BGLB010369-PB: F-box/WD repeat-containing protein 4-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4461:143256:146478:1 gene:BGLB010369	-15	-18,8
bgl-miR-315-5p	BGLB010549-PB: ATP-binding cassette sub-family G member 2-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016887	Scaffold448:418962:436735:1 gene:BGLB010549	-15	-19,6
bgl-miR-315-5p	BGLB010653-PB: pachytene checkpoint protein 2 homolog [Bgl]	GO:0005524	Scaffold4885:8240:13502:1 gene:BGLB010653	-21	-18,8
bgl-miR-315-5p	BGLB010688-PB: receptor-type tyrosine-protein phosphatase alpha-like [Bgl]	GO:0004725 GO:0006470 GO:0016311 GO:0016791	Scaffold4923:3452:11844:1 gene:BGLB010688	-16	-21,1
bgl-miR-315-5p	BGLB010796-PC: transmembrane and TPR repeat-containing protein 4-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold5014:13207:29174:1 gene:BGLB010796	-21	-19,7
bgl-miR-315-5p	BGLB011348-PB: dynein light chain 2- cytoplasmic [Bgl]	GO:0003774 GO:0005737 GO:0005874 GO:0005875 GO:0007017 GO:0030286	Scaffold547263:1816:2085:1 gene:BGLB011348	-22	-22,8
bgl-miR-315-5p	BGLB011426-PB: uncharacterized protein LOC106076842 [Bgl]	GO:0016021 GO:0032588 GO:0061436 GO:0070268	Scaffold5517:2517:3056:1 gene:BGLB011426	-16	-21,1
bgl-miR-315-5p	BGLB011495-PB: rap1 GTPase-GDP dissociation stimulator 1-A-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	Scaffold556:62034:83791:1 gene:BGLB011495	-16	-18,3
bgl-miR-315-5p	BGLB011736-PB: caltractin-like [Bgl]	GO:0005509	Scaffold575:35173:40254:1 gene:BGLB011736	-17	-20,7
bgl-miR-315-5p	BGLB011831-PB: flavin-containing monooxygenase FMO GS-OX-like 2 [Bgl]	GO:0004499 GO:0050660 GO:0050661 GO:0055114	Scaffold5850:4640:15717:1 gene:BGLB011831	-20	-16,6
bgl-miR-315-5p	BGLB012251-PB: serine/threonine-protein phosphatase 5-like [Bgl]	GO:0004721 GO:0005515 GO:0006470 GO:0016787	Scaffold6303:1893:12348:1 gene:BGLB012251	-23	-17,1
bgl-miR-315-5p	BGLB012647-PB: tubulin alpha-8 chain-like- partial [Bgl]	GO:0005200 GO:0005525 GO:0005874 GO:0007017	Scaffold6891:3630:8687:1 gene:BGLB012647	-21	-24,4
bgl-miR-315-5p	BGLB012692-PB: trichohyalin-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold695:153317:164120:1 gene:BGLB012692	-24	-19,7
bgl-miR-315-5p	BGLB012787-PB: sorting nexin-33-like- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0035091	Scaffold7116:1099:17066:1 gene:BGLB012787	-20	-17,8
bgl-miR-315-5p	BGLB012904-PB: amino acid transporter ANTL1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold73:209564:223246:1 gene:BGLB012904	-17	-20,3
bgl-miR-315-5p	BGLB012981-PC: rhodopsin-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold74:486583:497542:1 gene:BGLB012981	-16	-16,8
bgl-miR-315-5p	BGLB013288-PB: zinc transporter ZIP1-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0030001 GO:0046873 GO:0055085	Scaffold79:580514:581296:1 gene:BGLB013288	-22	-23,1
bgl-miR-315-5p	BGLB013753-PB: uncharacterized protein LOC106052585 [Bgl]	GO:0003824 GO:0005975 GO:0016810	Scaffold8643:4149:9868:1 gene:BGLB013753	-22	-19,2
bgl-miR-315-5p	BGLB013858-PB: Golgi apparatus membrane protein TVP23 homolog B-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold88:528461:535429:1 gene:BGLB013858	-17	-20,1
bgl-miR-315-5p	BGLB014203-PB: aconitate hydratase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003994 GO:0005739 GO:0006099 GO:0008152 GO:0046872 GO:0051539	Scaffold949:37970:55782:1 gene:BGLB014203	-16	-20,9
bgl-miR-315-5p	BGLB014339-PB: cholinesterase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004104	Scaffold9792:1382:9923:1 gene:BGLB014339	-20	-18,2
bgl-miR-315-5p	BGLB016248-PA: transcription factor Sox-10-like [Bgl]	GO:0000981 GO:0003677 GO:0005634 GO:0006355	Scaffold5118:4423:32580:1 gene:BGLB016248	-23	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB016373-PA: uncharacterized protein LOC106070285 [Bgl]	GO:0004623 GO:0005576 GO:0006644 GO:0050482	Scaffold33:246104:252826:1 gene:BGLB016373	-17	-20,2

bgl-miR-315-5p	BGLB016400-PA: propionyl-CoA carboxylase beta chain- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0016874	LG29 Scaffold49:11155:47624:1 gene:BGLB016400	-27	-20,3
bgl-miR-315-5p	BGLB016454-PA: lipoyl synthase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0005739 GO:0009107 GO:0009249 GO:0016992 GO:0046872 GO:0051536 GO:0051539	Scaffold2566:16297:35474:1 gene:BGLB016454	-16	-19,2
bgl-miR-315-5p	BGLB016635-PA: sodium-dependent phosphate transport protein 2B-like [Bgl]	GO:0015321 GO:0016020 GO:0016021 GO:0044341	Scaffold1362:29841:36152:1 gene:BGLB016635	-18	-22,2
bgl-miR-315-5p	BGLB016776-PA: slowpoke-binding protein-like [Bgl]	GO:0003779 GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468 GO:0016021	LG37 Scaffold216:20948:230575:1 gene:BGLB016776	-26	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB016789-PA: centrosomal protein of 290 kDa-like [Bgl]	GO:0005634 GO:0005813 GO:0060271	Scaffold6504:16401:20741:1 gene:BGLB016789	-16	-18,4
bgl-miR-315-5p	BGLB016964-PA: kin of IRRE-like protein 2 isoform X4 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold15556:34406:40333:1 gene:BGLB016964	-19	-17,8
bgl-miR-315-5p	BGLB016971-PD: G protein-activated inward rectifier potassium channel 4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005242 GO:0006813 GO:0016021 GO:0034765	Scaffold88:171197:211710:1 gene:BGLB016971	-23	-18,1
bgl-miR-315-5p	BGLB017074-PA: peripheral plasma membrane protein CASK-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005515 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold31:616455:801212:1 gene:BGLB017074	-34	-24,4
bgl-miR-315-5p	BGLB017113-PA: uncharacterized protein LOC106054941 [Bgl]	GO:0016021	LG24 Scaffold159:199057:204603:1 gene:BGLB017113	-22	-16,9
bgl-miR-315-5p	BGLB017142-PA: FRAS1-related extracellular matrix protein 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005604 GO:0007154 GO:0007160 GO:0016021	LG4 Scaffold16:623284:698137:1 gene:BGLB017142	-23	-16,5
bgl-miR-315-5p	BGLB017200-PA: probable endochitinase [Bgl]	GO:0005576 GO:0006030 GO:0008061	Scaffold7068:9987:12720:1 gene:BGLB017200	-16	-20,5
bgl-miR-315-5p	BGLB017253-PA: trichohyalin-like isoform X1 [Bgl]	GO:0031110	LG4 Scaffold184:8347:17245:1 gene:BGLB017253	-27	-21,1
bgl-miR-315-5p	BGLB017299-PA: multiple epidermal growth factor-like domains protein 8 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005515 GO:0016021	Scaffold1608:13303:122030:1 gene:BGLB017299	-48	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB017734-PA: R3H domain-containing protein 4-like [Bgl]	GO:0003676	LG4 Scaffold2530:51654:58978:1 gene:BGLB017734	-15	-19,1
bgl-miR-315-5p	BGLB017743-PA: major facilitator superfamily domain-containing protein 7-a-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold105:274813:292412:1 gene:BGLB017743	-15	-22
bgl-miR-315-5p	BGLB017770-PA: glutamate receptor 2-like [Bgl]	GO:0004970 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold18:1086581:1092262:1 gene:BGLB017770	-20	-16,1
bgl-miR-315-5p	BGLB017942-PA: uncharacterized protein LOC106057556 [Bgl]	GO:0005576 GO:0008083	Scaffold1:2047550:2066697:1 gene:BGLB017942	-70	-19,7
bgl-miR-315-5p	BGLB018080-PA: galactose-3-O-sulfotransferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0001733 GO:0005794 GO:0009247 GO:0016021	LG78i Scaffold227:4324:5673:1 gene:BGLB018080	-23	-22,7
bgl-miR-315-5p	BGLB018162-PA: translation factor GUF1- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525 GO:0005743 GO:0005759 GO:0006412 GO:0043022 GO:0045727	LG22 Scaffold62:619427:639179:1 gene:BGLB018162	-34	-17,9
bgl-miR-315-5p	BGLB018444-PA: complement C3-like [Bgl]	GO:0004866 GO:0005515 GO:0005576 GO:0005615	LG48i Scaffold305:199503:28104:1 gene:BGLB018444	-22	-21,8
bgl-miR-315-5p	BGLB018614-PA: cytosolic phospholipase A2-like [Bgl]	GO:0004620 GO:0008152 GO:0009395	Scaffold3080:29882:40957:1 gene:BGLB018614	-25	-17,1
bgl-miR-315-5p	BGLB018843-PC: patched domain-containing protein 3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold2:1060416:1086607:1 gene:BGLB018843	-18	-15,9
bgl-miR-315-5p	BGLB019117-PA: uncharacterized protein LOC106056971 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	LG78i Scaffold144:280189:290467:1 gene:BGLB019117	-17	-17,3
bgl-miR-315-5p	BGLB019210-PA: wolframin-like- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold2557:791:5025:1 gene:BGLB019210	-28	-17
bgl-miR-315-5p	BGLB019745-PA: uncharacterized protein LOC106072168 [Bgl]	GO:0004843 GO:0051260	Scaffold3959:12312:18801:1 gene:BGLB019745	-20	-25,1
bgl-miR-315-5p	BGLB019760-PA: synaptic vesicular amine transporter-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold2126:15762:39792:1 gene:BGLB019760	-18	-15,4
bgl-miR-315-5p	BGLB019855-PA: uncharacterized protein LOC106064406 isoform X1 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1903:32007:44420:1 gene:BGLB019855	-21	-17
bgl-miR-315-5p	BGLB019855-PB: uncharacterized protein LOC106064406 isoform X1 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1903:18560:44104:1 gene:BGLB019855	-21	-17
bgl-miR-315-5p	BGLB019855-PC: uncharacterized protein LOC106064406 isoform X1 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1903:32007:44104:1 gene:BGLB019855	-21	-17
bgl-miR-315-5p	BGLB020064-PA: uncharacterized protein LOC106066491 [Bgl]	GO:0046872	Scaffold23:843022:849329:1 gene:BGLB020064	-20	-22,3
bgl-miR-315-5p	BGLB020200-PA: phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase subunit H-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0017176	Scaffold69:183059:188493:1 gene:BGLB020200	-77	-21,4
bgl-miR-315-5p	BGLB020235-PA: proline-rich transmembrane protein 1-like [Bgl]	GO:0009607 GO:0016021	Scaffold801:135617:140146:1 gene:BGLB020235	-15	-17,9
bgl-miR-315-5p	BGLB020811-PA: lisH domain-containing protein ARMC9-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	Scaffold426:112299:127048:1 gene:BGLB020811	-21	-27,1
bgl-miR-315-5p	BGLB021002-PA: uncharacterized protein LOC106056648 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	LG2 Scaffold400:244517:248033:1 gene:BGLB021002	-18	-22
bgl-miR-315-5p	BGLB021115-PA: ADAMTS-like protein 1 isoform X2 [Bgl]	GO:0008233	Scaffold669:76679:129597:1 gene:BGLB021115	-25	-18
bgl-miR-315-5p	BGLB021138-PA: uncharacterized protein LOC106056716 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG71i Scaffold224:391422:392510:1 gene:BGLB021138	-16	-16,9
bgl-miR-315-5p	BGLB021138-PB: uncharacterized protein LOC106056716 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG71i Scaffold224:388860:392510:1 gene:BGLB021138	-16	-16,9
bgl-miR-315-5p	BGLB021373-PA: BRISC and BRCA1-A complex member 1-like [Bgl]	GO:0045739 GO:0070531 GO:0070552	Scaffold11117:3537:10955:1 gene:BGLB021373	-18	-16,5
bgl-miR-315-5p	BGLB021425-PA: calcium/calmodulin-dependent 3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 1B-like [Bgl]	GO:0004114 GO:0007165 GO:0008081 GO:0046872	LG6 Scaffold394:166338:187624:1 gene:BGLB021425	-22	-18,6
bgl-miR-315-5p	BGLB022475-PA: organic solute transporter subunit alpha-like [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold339:118625:141854:1 gene:BGLB022475	-15	-16,8
bgl-miR-315-5p	BGLB022577-PC: uncharacterized protein LOC106069003 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003707 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold291:243894:254220:1 gene:BGLB022577	-17	-21,3
bgl-miR-315-5p	BGLB023333-PA: arginine-glutamic acid dipeptide repeats protein-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0006355 GO:0008270 GO:0043565	Scaffold424:5152:39105:1 gene:BGLB023333	-20	-20,7
bgl-miR-315-5p	BGLB023721-PB: alkaline ceramidase 3-like [Bgl]	GO:0006672 GO:0016021 GO:0016811 GO:0017040 GO:0102121	Scaffold4740:24079:35341:1 gene:BGLB023721	-17	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB024034-PA: uncharacterized protein LOC106075020 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold5190:1537:9945:1 gene:BGLB024034	-16	-21,3
bgl-miR-315-5p	BGLB024509-PA: uncharacterized protein LOC106058793 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold11180:8333:8830:1 gene:BGLB024509	-24	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB024563-PA: charged multivesicular body protein 2b-A-like [Bgl]	GO:0007034	Scaffold10:84361:89346:1 gene:BGLB024563	-17	-21,8
bgl-miR-315-5p	BGLB024667-PA: calpain-5-like [Bgl]	GO:0004198 GO:0005622 GO:0006508	Scaffold659:139370:163120:1 gene:BGLB024667	-17	-23,1
bgl-miR-315-5p	BGLB024682-PA: uncharacterized protein LOC106058561 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1096:103766:128952:1 gene:BGLB024682	-21	-15,6
bgl-miR-315-5p	BGLB024768-PA: lysophospholipid acyltransferase 5-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold424:95461:99896:1 gene:BGLB024768	-26	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB024768-PB: lysophospholipid acyltransferase 5-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold424:95456:99896:1 gene:BGLB024768	-26	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB024912-PA: protein JTB-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4499:15827:22934:1 gene:BGLB024912	-17	-20,2
bgl-miR-315-5p	BGLB025647-PA: choline transporter-like protein 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4112:34842:50887:1 gene:BGLB025647	-21	-19,2
bgl-miR-315-5p	BGLB025647-PB: choline transporter-like protein 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4112:27786:50887:1 gene:BGLB025647	-21	-19,2

bgl-miR-315-5p	BGLB025813-PA: uncharacterized protein LOC106077065 [Bgl]	GO:0016810 GO:0019213	Scaffold554733:2846:3849: 1 gene:BGLB025813	-21	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB026023-PA: DENN domain-containing protein 3-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold179:14030:39832: 1 gene:BGLB026023	-16	-21,7
bgl-miR-315-5p	BGLB026106-PA: follistatin-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold2291:4135:47919: 1 gene:BGLB026106	-18	-16,4
bgl-miR-315-5p	BGLB026174-PA: ATP-binding cassette sub-family G member 5-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021	Scaffold361:196490:212928: 1 gene:BGLB026174	-18	-24,9
bgl-miR-315-5p	BGLB026432-PA: growth hormone secretagogue receptor type 1-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1089:30935:35304: 1 gene:BGLB026432	-15	-16,8
bgl-miR-315-5p	BGLB026604-PA: centrosomal protein of 83 kDa-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005814 GO:0048278 GO:0060271	LG17 Scaffold37:270613:281762: 1 gene:BGLB026604	-30	-17,6
bgl-miR-315-5p	BGLB026744-PA: zinc finger protein PLAGL1-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold1874:16878:17321: 1 gene:BGLB026744	-16	-22
bgl-miR-315-5p	BGLB026765-PA: carbonic anhydrase 1-like [Bgl]	GO:0004089 GO:0008270 GO:0016021	Scaffold3749:2979:15350: 1 gene:BGLB026765	-30	-20,4
bgl-miR-315-5p	BGLB027107-PA: OTU domain-containing protein 5-B-like [Bgl]	GO:0004843 GO:0016579	LG17 Scaffold37:672190:680223: 1 gene:BGLB027107	-21	-17,5
bgl-miR-315-5p	BGLB027223-PA: protein trapped in endoderm-1-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0008502 GO:0016021	Scaffold382:146076:147137: 1 gene:BGLB027223	-29	-23,3
bgl-miR-315-5p	BGLB027265-PA: uncharacterized protein LOC106079834 [Bgl]	GO:0000776 GO:0003677 GO:0005634 GO:0046982 GO:0051382	Scaffold6654:32277:41353: 1 gene:BGLB027265	-18	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB027603-PA: uncharacterized protein LOC106069930 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold3185:1628:5601: 1 gene:BGLB027603	-16	-23,8
bgl-miR-315-5p	BGLB027688-PA: flocculation protein FLO11-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005856 GO:0008092	Scaffold734:17306:47949: 1 gene:BGLB027688	-16	-21,4
bgl-miR-315-5p	BGLB027953-PA: uncharacterized protein LOC106065499 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG4 Scaffold347:293360:313525: 1 gene:BGLB027953	-37	-19,2
bgl-miR-315-5p	BGLB028491-PA: uncharacterized protein LOC106054657 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold91:392332:402205: 1 gene:BGLB028491	-43	-17,7
bgl-miR-315-5p	BGLB029109-PA: endoplasmic reticulum-Golgi intermediate compartment protein 3-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold976:68440:86211: 1 gene:BGLB029109	-19	-18,6
bgl-miR-315-5p	BGLB029623-PA: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP8-like [Bgl]	GO:0003755 GO:0005515 GO:0016021	Scaffold370:50317:60130: 1 gene:BGLB029623	-22	-19,6
bgl-miR-315-5p	BGLB029695-PA: chitotriosidase-1-like [Bgl]	GO:0004553 GO:0005975 GO:0008061	Scaffold642:135334:145275: 1 gene:BGLB029695	-16	-18,7
bgl-miR-315-5p	BGLB029823-PA: microsomal triglyceride transfer protein large subunit-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005319 GO:0006869	LG2 Scaffold91:169792:185982: 1 gene:BGLB029823	-45	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB029823-PB: microsomal triglyceride transfer protein large subunit-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005319 GO:0006869	LG2 Scaffold91:167375:185982: 1 gene:BGLB029823	-45	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB029823-PC: microsomal triglyceride transfer protein large subunit-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005319 GO:0006869	LG2 Scaffold91:166563:185982: 1 gene:BGLB029823	-45	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB030096-PA: uncharacterized protein LOC106061817 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold15625:5178:11276: 1 gene:BGLB030096	-17	-19,6
bgl-miR-315-5p	BGLB030096-PC: uncharacterized protein LOC106061817 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold15625:2329:11276: 1 gene:BGLB030096	-17	-19,6
bgl-miR-315-5p	BGLB030100-PA: uncharacterized protein LOC106056966 isoform X1 [Bgl]	GO:0006508 GO:0008236	LG2 Scaffold727:162499:166510: 1 gene:BGLB030100	-15	-20,1
bgl-miR-315-5p	BGLB030100-PB: uncharacterized protein LOC106056966 isoform X1 [Bgl]	GO:0006508 GO:0008236	LG2 Scaffold727:164390:166510: 1 gene:BGLB030100	-15	-20,1
bgl-miR-315-5p	BGLB030332-PA: uncharacterized protein LOC106056714 [Bgl]	GO:0016021	LG71i Scaffold224:367049:370579: 1 gene:BGLB030332	-23	-21,4
bgl-miR-315-5p	BGLB030599-PA: dachshund homolog 1-like [Bgl]	GO:0016021	LG11 Scaffold228:390415:391589: 1 gene:BGLB030599	-22	-17,4
bgl-miR-315-5p	BGLB030656-PA: endoplasmic reticulum metalloproteinase 1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold986:96563:107870: 1 gene:BGLB030656	-33	-19
bgl-miR-315-5p	BGLB030881-PA: uncharacterized protein LOC106053738 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold9715:10545:20073: 1 gene:BGLB030881	-18	-20,8
bgl-miR-315-5p	BGLB031108-PA: glutamate receptor 2-like [Bgl]	GO:0004970 GO:0005234 GO:0016020 GO:0016021 GO:0098794	Scaffold2107:20228:33642: 1 gene:BGLB031108	-23	-18,9
bgl-miR-315-5p	BGLB031474-PA: beta-1 adrenergic receptor-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold469:87615:94759: 1 gene:BGLB031474	-21	-19,8
bgl-miR-315-5p	BGLB031534-PA: WD repeat-containing protein 64-like [Bgl]	GO:0005515	LG78i Scaffold2997:10760:28422: 1 gene:BGLB031534	-19	-20
bgl-miR-315-5p	BGLB031707-PA: uncharacterized protein LOC106055997 [Bgl]	GO:0005515	LG34i Scaffold5:1208190:1262770: 1 gene:BGLB031707	-22	-21,3
bgl-miR-315-5p	BGLB032022-PA: uncharacterized protein YMR196W-like- partial [Bgl]	GO:0003824 GO:0004573 GO:0009311	Scaffold21783:1378:3254: 1 gene:BGLB032022	-27	-23,1
bgl-miR-315-5p	BGLB032076-PA: uncharacterized protein LOC106078108 isoform X3 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5777:21781:37793: 1 gene:BGLB032076	-19	-15,8
bgl-miR-315-5p	BGLB032076-PC: uncharacterized protein LOC106078108 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5777:21781:35847: 1 gene:BGLB032076	-19	-15,8
bgl-miR-315-5p	BGLB032244-PA: V-type proton ATPase subunit C 1-A-like [Bgl]	GO:0015078 GO:0015991 GO:0033180	Scaffold208:241104:248870: 1 gene:BGLB032244	-19	-23,3
bgl-miR-315-5p	BGLB032445-PA: calpain-9-like [Bgl]	GO:0004198 GO:0005509 GO:0005622 GO:0006508 GO:0007586	Scaffold1317:37822:55637: 1 gene:BGLB032445	-53	-17,7
bgl-miR-315-5p	BGLB032491-PA: uncharacterized protein LOC106075241 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold53:391620:404768: 1 gene:BGLB032491	-28	-21
bgl-miR-315-5p	BGLB032500-PA: uncharacterized protein LOC106055999 [Bgl]	GO:0016021	LG34i Scaffold5:1802:9922: 1 gene:BGLB032500	-51	-21,5
bgl-miR-315-5p	BGLB032812-PA: CAS1 domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold176:33784:45468: 1 gene:BGLB032812	-18	-17,5
bgl-miR-315-5p	BGLB033060-PA: rhomboid-related protein 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004252 GO:0006508 GO:0016021	Scaffold899:72526:85102: 1 gene:BGLB033060	-19	-19,5
bgl-miR-315-5p	BGLB033128-PA: uncharacterized protein LOC106078905 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6105:6919:13772: 1 gene:BGLB033128	-19	-22,8
bgl-miR-315-5p	BGLB033227-PA: dyslexia susceptibility 1 candidate gene 1 protein-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold6718:21299:28066: 1 gene:BGLB033227	-27	-23,5
bgl-miR-315-5p	BGLB033325-PA: beta-1-3-galactosyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold207:68656:71012: 1 gene:BGLB033325	-17	-17,5
bgl-miR-315-5p	BGLB033399-PA: epoxide hydrolase 1-like [Bgl]	GO:0003824	LG3 Scaffold1119:37918:43547: 1 gene:BGLB033399	-23	-19,3
bgl-miR-315-5p	BGLB033748-PA: uncharacterized protein LOC106073641 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4459:108493:113193: 1 gene:BGLB033748	-17	-21,1
bgl-miR-315-5p	BGLB033784-PA: uncharacterized protein LOC106074821 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold51:310753:335435: 1 gene:BGLB033784	-20	-21,7
bgl-miR-315-5p	BGLB033784-PB: uncharacterized protein LOC106074821 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold51:310753:326395: 1 gene:BGLB033784	-20	-21,7
bgl-miR-315-5p	BGLB033821-PA: lengsin-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004356 GO:0006807	Scaffold178:101948:105334: 1 gene:BGLB033821	-26	-18,3
bgl-miR-315-5p	BGLB034081-PA: fatty-acid amide hydrolase 1-like [Bgl]	GO:0004040 GO:0017064	LG21 Scaffold408:67721:91123: 1 gene:BGLB034081	-15	-19,8
bgl-miR-315-5p	BGLB034324-PA: tubulin beta chain- partial [Bgl]	GO:0005200 GO:0005525 GO:0005874 GO:0007017	Scaffold23106:187:2145: 1 gene:BGLB034324	-17	-19,5
bgl-miR-315-5p	BGLB034418-PA: uncharacterized protein LOC106071471 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold373:46647:52553: 1 gene:BGLB034418	-23	-16,8



bgl-miR-315-5p	BGLB034766-PA: uncharacterized protein LOC106060012- partial [Bgl]	GO:0016021	Scaffold12949:203:3937:1 gene:BGLB034766	-17	-17,1
bgl-miR-315-5p	BGLB034833-PA: zinc finger protein 235-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold1161:8774:12333:1 gene:BGLB034833	-17	-20,3
bgl-miR-315-5p	BGLB035144-PA: G-protein coupled receptor GRL101-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0005515 GO:0007186 GO:0016021 GO:0016500	Scaffold409:146304:148601:1 gene:BGLB035144	-20	-20,4
bgl-miR-315-5p	BGLB035246-PA: sodium-dependent phosphate transporter 1-B-like [Bgl]	GO:0005315 GO:0006817 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold562839:849:4499:1 gene:BGLB035246	-25	-20,3
bgl-miR-315-5p	BGLB035681-PA: uncharacterized protein LOC106080317 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6937:13083:19962:1 gene:BGLB035681	-15	-16,3
bgl-miR-315-5p	BGLB036071-PA: putative ankyrin repeat protein RF 0381- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0005622 GO:0035556	Scaffold4561467:512:1267:1 gene:BGLB036071	-16	-18,6
bgl-miR-315-5p	BGLB036241-PB: FAD synthase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	LG20 Scaffold198:68735:80616:1 gene:BGLB036241	-20	-18
bgl-miR-315-5p	BGLB036241-PC: FAD synthase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	LG20 Scaffold198:68735:80742:1 gene:BGLB036241	-20	-18
bgl-miR-315-5p	BGLB036889-PA: exocyst complex component 4-like isoform X3 [Bgl]	GO:0000145 GO:0006904 GO:0015031	LG21 Scaffold123:236185:265631:1 gene:BGLB036889	-16	-20,4
bgl-miR-315-5p	BGLB037012-PA: NF-kappa-B inhibitor zeta-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1621:66776:79474:1 gene:BGLB037012	-20	-24,8
bgl-miR-315-5p	BGLB037138-PA: peroxisome biogenesis factor 2-like [Bgl]	GO:0046872	Scaffold5313:12145:29154:1 gene:BGLB037138	-27	-20,5
bgl-miR-315-5p	BGLB037249-PA: uncharacterized protein LOC106073822 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005789 GO:0016021 GO:0016757	LG2 Scaffold80:207009:224726:1 gene:BGLB037249	-28	-20,5
bgl-miR-315-5p	BGLB037364-PB: uncharacterized protein LOC106079673 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold657:30841:36898:1 gene:BGLB037364	-20	-17,3
bgl-miR-315-5p	BGLB037437-PA: uncharacterized protein LOC106067750 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2603:32592:35814:1 gene:BGLB037437	-25	-26,5
bgl-miR-315-5p	BGLB037626-PA: protein TR11-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold31:289036:294699:1 gene:BGLB037626	-23	-16,7
bgl-miR-315-5p	BGLB038761-PA: redox-regulatory protein FAM213A-like [Bgl]	GO:0055114	LG2 Scaffold214:133781:136104:1 gene:BGLB038761	-16	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB039013-PA: probable hydrolase PNKD isoform X1 [Bgl]	GO:0004416 GO:0019243	Scaffold8145:10728:16131:1 gene:BGLB039013	-18	-19,4
bgl-miR-315-5p	BGLB039013-PB: probable hydrolase PNKD isoform X1 [Bgl]	GO:0004416 GO:0019243	Scaffold8145:10728:18435:1 gene:BGLB039013	-18	-19,4
bgl-miR-315-5p	BGLB039105-PA: RNA-binding protein 45-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold4766:1569:12565:1 gene:BGLB039105	-15	-19,5
bgl-miR-315-5p	BGLB039353-PA: uncharacterized protein LOC106072493 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4409:2851:5906:1 gene:BGLB039353	-19	-18,6
bgl-miR-315-5p	BGLB039821-PA: serine/threonine-protein kinase DCLK1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0005622 GO:0006468 GO:0035556	Scaffold766:131051:157044:1 gene:BGLB039821	-17	-20,2
bgl-miR-315-5p	BGLB039926-PA: serine palmitoyltransferase 2-like [Bgl]	GO:0003824	Scaffold8597:21702:22734:1 gene:BGLB039926	-17	-16,6
bgl-miR-315-5p	BGLB040235-PA: ATP-binding cassette sub-family A member 1-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016021 GO:0016887 GO:0042626 GO:0055085	Scaffold4341:171506:231936:1 gene:BGLB040235	-16	-20,6
bgl-miR-315-5p	BGLB040398-PA: putative N-acetylated-alpha-linked acidic dipeptidase [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2301:52741:65568:1 gene:BGLB040398	-21	-19,5
bgl-miR-71-5p	BGLB000058-PA: peroxiredoxin-6-like [Bgl]	GO:0005623 GO:0016209 GO:0016491 GO:0045454 GO:0051920 GO:0055114	Scaffold3827:32215:40130:1 gene:BGLB000058	-16	-20
bgl-miR-71-5p	BGLB000154-PB: uncharacterized protein LOC106078834 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG11 Scaffold102:439387:460279:1 gene:BGLB000154	-16	-22,8
bgl-miR-71-5p	BGLB000154-PC: uncharacterized protein LOC106078834 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG11 Scaffold102:442243:460279:1 gene:BGLB000154	-16	-22,8
bgl-miR-71-5p	BGLB000470-PB: leucine-rich repeat-containing protein 59-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG10 Scaffold160:107711:113877:1 gene:BGLB000470	-16	-21,4
bgl-miR-71-5p	BGLB000472-PB: DNA repair protein RAD50-like [Bgl]	GO:0000723 GO:0005634 GO:0006281 GO:0016887 GO:0030870 GO:0046872	LG10 Scaffold160:127335:150800:1 gene:BGLB000472	-17	-23,8
bgl-miR-71-5p	BGLB000612-PB: zinc finger protein 708-like [Bgl]	GO:0003676	LG12 Scaffold2757:38629:40707:1 gene:BGLB000612	-16	-21,4
bgl-miR-71-5p	BGLB000639-PB: melanotransferrin-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005615 GO:0006811 GO:0046872 GO:0055072	LG13 Scaffold240:319320:330952:1 gene:BGLB000639	-21	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB000727-PB: kelch-like protein 24 [Bgl]	GO:0005515	LG17 Scaffold1015:19111:20880:1 gene:BGLB000727	-18	-23,5
bgl-miR-71-5p	BGLB000751-PB: dual specificity protein phosphatase 7-like [Bgl]	GO:0004725 GO:0006470 GO:0008138 GO:0016311 GO:0016791 GO:0017017	LG17 Scaffold1476:53133:56006:1 gene:BGLB000751	-19	-24,7
bgl-miR-71-5p	BGLB000788-PB: acyl-CoA dehydrogenase family member 9- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003995 GO:0016627 GO:0050660 GO:0055114	LG17 Scaffold241:20727:34079:1 gene:BGLB000788	-15	-19,6
bgl-miR-71-5p	BGLB000788-PC: acyl-CoA dehydrogenase family member 9- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003995 GO:0016627 GO:0050660 GO:0055114	LG17 Scaffold241:20727:33254:1 gene:BGLB000788	-15	-19,6
bgl-miR-71-5p	BGLB000880-PB: F-actin-capping protein subunit alpha-2-like [Bgl]	GO:0003779 GO:0008290 GO:0051016	LG17 Scaffold460:33006:39599:1 gene:BGLB000880	-20	-28,6
bgl-miR-71-5p	BGLB000929-PB: beta-1-3-galactosyl-O-glycosyl-glycoprotein beta-1-6-N-acetylgalucosaminyltransferase-like [Bgl]	GO:0008375 GO:0016020 GO:0016021	LG17i Scaffold33252:24828:38545:1 gene:BGLB000929	-25	-27,1
bgl-miR-71-5p	BGLB001275-PB: cysteine sulfenic acid decarboxylase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0016831 GO:0019752 GO:0030170	LG24 Scaffold115:405988:416770:1 gene:BGLB001275	-25	-28
bgl-miR-71-5p	BGLB001285-PB: multiple epidermal growth factor-like domains protein 6 [Bgl]	GO:0005509 GO:0016021	LG24 Scaffold159:68662:109645:1 gene:BGLB001285	-21	-23,8
bgl-miR-71-5p	BGLB001336-PB: protein bicaudal D-like [Bgl]	GO:0008093 GO:0070840	LG24 Scaffold180:132765:150353:1 gene:BGLB001336	-17	-20,3
bgl-miR-71-5p	BGLB001341-PB: glyoxylate/hydroxypyruvate reductase A-like [Bgl]	GO:0051287 GO:0055114	LG24 Scaffold180:330628:340994:1 gene:BGLB001341	-18	-21,9
bgl-miR-71-5p	BGLB001435-PB: probable low-specificity L-threonine aldolase 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0006520 GO:0016829	LG25i Scaffold498:211717:218870:1 gene:BGLB001435	-21	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB001435-PC: probable low-specificity L-threonine aldolase 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0006520 GO:0016829	LG25i Scaffold498:211717:218471:1 gene:BGLB001435	-21	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB001437-PB: N-sulphoglucoamine sulphohydrolase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152 GO:0008484 GO:0016021	LG25i Scaffold98:412517:417739:1 gene:BGLB001437	-22	-23,4
bgl-miR-71-5p	BGLB001511-PB: synaptojanin-2-binding protein-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG27 Scaffold161:316123:319831:1 gene:BGLB001511	-16	-20,7
bgl-miR-71-5p	BGLB001557-PB: putative ATP-dependent RNA helicase TDRD9 [Bgl]	GO:0003676 GO:0004386 GO:0005524	LG27 Scaffold64:204653:230649:1 gene:BGLB001557	-16	-21
bgl-miR-71-5p	BGLB001647-PB: potassium voltage-gated channel protein Shaw-like [Bgl]	GO:0005216 GO:0005249 GO:0005515 GO:0006811 GO:0006813 GO:0008076 GO:0016020 GO:0034765 GO:0051260 GO:0055085	LG29 Scaffold106:306376:311555:1 gene:BGLB001647	-18	-21,9
bgl-miR-71-5p	BGLB001655-PB: angiotensin-converting enzyme-like [Bgl]	GO:0006508 GO:0008237 GO:0008241 GO:0016020	LG29 Scaffold14:267240:299557:1 gene:BGLB001655	-19	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB001786-PB: glutamate-rich WD repeat-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	LG2 Scaffold1136:3962:14824:1 gene:BGLB001786	-22	-24,8
bgl-miR-71-5p	BGLB001871-PB: uncharacterized protein LOC106052205 [Bgl]	GO:0003677 GO:0006281 GO:0008270	LG2 Scaffold214:144006:156370:1 gene:BGLB001871	-17	-21,7
bgl-miR-71-5p	BGLB001923-PB: ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 7-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0006511 GO:0016579 GO:0036459	LG2 Scaffold262:305127:325834:1 gene:BGLB001923	-19	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB002001-PB: tectonin beta-propeller repeat-containing protein 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold42:701991:720155:1 gene:BGLB002001	-22	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB002001-PC: tectonin beta-propeller repeat-containing protein 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold442:701991:720041:1 gene:BGLB002001	-22	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB002037-PB: mitochondrial uncoupling protein 4-like [Bgl]	GO:0006839 GO:0016021 GO:0031966	LG2 Scaffold66:80047:92870:1 gene:BGLB002037	-15	-21,1
bgl-miR-71-5p	BGLB002169-PB: transcription factor 12-like isoform X7 [Bgl]	GO:0046983	LG34i Scaffold5:210398:342171:1 gene:BGLB002169	-20	-24,9

bgl-miR-71-5p	BGLB002169-PC: transcription factor 12-like isoform X5 [Bgl]	GO:0046983	LG34i Scaffold5:210398.301104:  lgene:BGLB002169	-20	-24,9
bgl-miR-71-5p	BGLB002412-PB: dimethylaniline monooxygenase [N-oxide-forming] 5-like [Bgl]	GO:0004499 GO:0016021 GO:0050660 GO:0050661 GO:0055114	LG48i Scaffold205:307654:315632:  lgene:BGLB002412	-17	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB002463-PB: COP9 signalosome complex subunit 5-like [Bgl]	GO:0005515	LG4 Scaffold16:493634:501153:  lgene:BGLB002463	-17	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB002537-PB: dnaJ homolog subfamily B member 1-like [Bgl]	GO:0006457 GO:0051082	LG4 Scaffold26:309305:310342:  lgene:BGLB002537	-25	-25,2
bgl-miR-71-5p	BGLB002624-PB: programmed cell death protein 2-like [Bgl]	GO:0005737 GO:0046872	LG4 Scaffold430:42929:47822:  lgene:BGLB002624	-17	-20,3
bgl-miR-71-5p	BGLB002699-PB: uncharacterized protein LOC106062405 [Bgl]	GO:0003725 GO:0016021	LG4 Scaffold628:62833:70243:  lgene:BGLB002699	-15	-18,2
bgl-miR-71-5p	BGLB002725-PB: atrial natriuretic peptide receptor 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004383 GO:0004672 GO:0005524 GO:0005622 GO:0006182 GO:0006468 GO:0009190 GO:0016021 GO:0016849 GO:0035556	LG4 Scaffold70:49851:76971:  lgene:BGLB002725	-16	-19,4
bgl-miR-71-5p	BGLB002895-PB: polyhomeotic-like protein 1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005634 GO:0008270	LG55i Scaffold5327:3065:12883:  lgene:BGLB002895	-18	-22,5
bgl-miR-71-5p	BGLB002918-PB: DPH4 homolog [Bgl]	GO:0046872	LG5 Scaffold183:257721:258143:  lgene:BGLB002918	-33	-23,9
bgl-miR-71-5p	BGLB003094-PB: transcription factor MafB-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	LG6 Scaffold4428:74056:75186:  lgene:BGLB003094	-20	-21,5
bgl-miR-71-5p	BGLB003117-PB: DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB3-like [Bgl]	GO:0003899 GO:0006351 GO:0046983	LG6 Scaffold701:158720:167996:  lgene:BGLB003117	-15	-20,5
bgl-miR-71-5p	BGLB003121-PB: aurora kinase A-A-like- partial [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468 GO:0007049	LG6 Scaffold701:220722:225224:  lgene:BGLB003121	-17	-23,5
bgl-miR-71-5p	BGLB003230-PB: iron/zinc purple acid phosphatase-like protein [Bgl]	GO:0003993 GO:0005515 GO:0016787 GO:0046872	LG78i Scaffold11:1068495:1074352:  lgene:BGLB003230	-18	-21,2
bgl-miR-71-5p	BGLB003296-PB: lysocardiolipin acyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016021 GO:0016746	LG78i Scaffold371:88641:93091:  lgene:BGLB003296	-16	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB003326-PB: scaffold protein salvador-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0005622 GO:0006915 GO:0007165 GO:0032947 GO:0035329 GO:0042127	LG78i Scaffold63:285772:292082:  lgene:BGLB003326	-17	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB003412-PB: SPRY domain-containing protein 7-like [Bgl]	GO:0005515	LG80i Scaffold35:176318:185343:  lgene:BGLB003412	-17	-18,4
bgl-miR-71-5p	BGLB003444-PB: protein pygopus-like [Bgl]	GO:0046872	LG8 Scaffold1046:34032:35050:  lgene:BGLB003444	-16	-21,5
bgl-miR-71-5p	BGLB003563-PB: serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B beta isoform-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000159 GO:0005515 GO:0019888	LG8 Scaffold500:159708:173808:  lgene:BGLB003563	-34	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB003563-PE: serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B delta isoform-like isoform X4 [Bgl]	GO:0000159 GO:0005515 GO:0019888	LG8 Scaffold500:167440:173808:  lgene:BGLB003563	-34	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB003593-PB: small conductance calcium-activated potassium channel protein-like [Bgl]	GO:0005516 GO:0006813 GO:0015269 GO:0016021 GO:0016286	LG8 Scaffold96:376539:483152:  lgene:BGLB003593	-18	-22,3
bgl-miR-71-5p	BGLB003636-PB: tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 23-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004725 GO:0005515 GO:0006470 GO:0016311 GO:0016791 GO:0030334 GO:0043162 GO:0060271	LG9i Scaffold325:334124:359310:  lgene:BGLB003636	-17	-19,7
bgl-miR-71-5p	BGLB003636-PC: tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 23-like isoform X3 [Bgl]	GO:0004725 GO:0005515 GO:0006470 GO:0016311 GO:0016791	LG9i Scaffold325:320673:359310:  lgene:BGLB003636	-17	-19,7
bgl-miR-71-5p	BGLB004090-PB: mammalian ependymin-related protein 1-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005576 GO:0007160	Scaffold108:452215:459264:  lgene:BGLB004090	-23	-26,4
bgl-miR-71-5p	BGLB004209-PB: brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005488	Scaffold111:172948:208805:  lgene:BGLB004209	-16	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB004209-PC: brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005488	Scaffold111:172948:196330:  lgene:BGLB004209	-16	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB004209-PE: brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005488	Scaffold111:172948:191096:  lgene:BGLB004209	-16	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB004312-PB: F-box only protein 10-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1133:46713:60715:  lgene:BGLB004312	-36	-24,7
bgl-miR-71-5p	BGLB004421-PB: iron/zinc purple acid phosphatase-like protein [Bgl]	GO:0003993 GO:0016787 GO:0046872	Scaffold116:439503:456542:  lgene:BGLB004421	-17	-20,8
bgl-miR-71-5p	BGLB004437-PB: kelch-like protein 18 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1165:45073:56910:  lgene:BGLB004437	-31	-21,6
bgl-miR-71-5p	BGLB004659-PB: ankyrin-3-like- partial [Bgl]	GO:0005216 GO:0005262 GO:0005515 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085 GO:0070588	Scaffold1238:5476:25918:  lgene:BGLB004659	-17	-23,1
bgl-miR-71-5p	BGLB004804-PB: cytochrome P450 2B1-like [Bgl]	GO:0004497 GO:0005506 GO:0016705 GO:0020037 GO:0055114	Scaffold1293:43905:47981:  lgene:BGLB004804	-17	-20,5
bgl-miR-71-5p	BGLB004808-PB: protein shuttle craft-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0008270	Scaffold1295:4031:23859:  lgene:BGLB004808	-18	-20
bgl-miR-71-5p	BGLB004915-PB: ileal sodium/bile acid cotransporter-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1331:8892:18972:  lgene:BGLB004915	-18	-20,9
bgl-miR-71-5p	BGLB005040-PB: peroxisomal coenzyme A diphosphatase NUDT7-like [Bgl]	GO:0016787	Scaffold13706:57:773:  lgene:BGLB005040	-24	-26,9
bgl-miR-71-5p	BGLB005191-PB: protein unc-93 homolog A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold142:185745:199375:  lgene:BGLB005191	-17	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB005191-PD: protein unc-93 homolog A-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold142:188142:199375:  lgene:BGLB005191	-17	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB005505-PB: ETS domain-containing protein Elk-4-like isoform X3 [Bgl]	GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565	Scaffold154:223020:241597:  lgene:BGLB005505	-22	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB005505-PC: uncharacterized protein LOC106061659 isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565	Scaffold154:136505:241597:  lgene:BGLB005505	-22	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB005505-PD: uncharacterized protein LOC106061659 isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565	Scaffold154:205234:241597:  lgene:BGLB005505	-22	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB005531-PC: kazrin-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1549:21165:37736:  lgene:BGLB005531	-18	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB005551-PB: prefoldin subunit 4-like [Bgl]	GO:0006457 GO:0016272 GO:0051082	Scaffold15568:40493:45409:  lgene:BGLB005551	-15	-21,9
bgl-miR-71-5p	BGLB005605-PB: proton myo-inositol cotransporter-like [Bgl]	GO:0005215 GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold15652:6344:13605:  lgene:BGLB005605	-18	-31,4
bgl-miR-71-5p	BGLB005691-PB: plexin-A2-like- partial [Bgl]	GO:0007165 GO:0017154 GO:0071526	Scaffold15811:16884:20690:  lgene:BGLB005691	-16	-21,3
bgl-miR-71-5p	BGLB005935-PC: sideroflexin-1-like isoform X3 [Bgl]	GO:0006811 GO:0015075 GO:0016020 GO:0016021 GO:0031966 GO:0055085	Scaffold165:334000:339485:  lgene:BGLB005935	-15	-20,2
bgl-miR-71-5p	BGLB005951-PB: elongation of very long chain fatty acids protein 4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0006633 GO:0016021 GO:0102336 GO:0102337 GO:0102338 GO:0102756	Scaffold1653:18310:30204:  lgene:BGLB005951	-23	-26,7
bgl-miR-71-5p	BGLB006638-PB: uncharacterized threonine-rich GPI-anchored glycoprotein PJ4664.02-like [Bgl]	GO:0005576 GO:0006030 GO:0008061	Scaffold1791:53641:63470:  lgene:BGLB006638	-20	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB006352-PB: 52 kDa repressor of the inhibitor of the protein kinase-like [Bgl]	GO:0046983	Scaffold17943:1702:2832:  lgene:BGLB006352	-21	-24,4
bgl-miR-71-5p	BGLB006380-PB: cdc42 homolog [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold18:911119:917488:  lgene:BGLB006380	-36	-25,4
bgl-miR-71-5p	BGLB006719-PB: Krueppel-like factor 12 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold1918:36690:44795:  lgene:BGLB006719	-24	-23,1
bgl-miR-71-5p	BGLB006720-PB: cAMP-regulated phosphoprotein 19-like- partial [Bgl]	GO:0004864 GO:0005737 GO:0007049 GO:0051301	Scaffold1919:2515:11341:  lgene:BGLB006720	-16	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB006760-PB: acetylcholine receptor subunit beta-like 1 [Bgl]	GO:0004888 GO:0005216 GO:0005230 GO:0006811 GO:0016021 GO:0022848 GO:0030054 GO:0034220 GO:0045211	Scaffold1933:20213:34847:  lgene:BGLB006760	-21	-25

bgl-miR-71-5p	BGLB006827-PB: kinesin-like protein KIF6 [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0005874 GO:0007018 GO:0008017	Scaffold1981:11521:31706:1 gene:BGLB006827	-22	-25,3
bgl-miR-71-5p	BGLB007021-PB: nuclear transcription factor Y subunit gamma-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0006351 GO:0006355 GO:0016602 GO:0046982	Scaffold207:88885:94411:1 gene:BGLB007021	-16	-21,3
bgl-miR-71-5p	BGLB007032-PB: uncharacterized protein LOC106065467 [Bgl]	GO:0003676 GO:0004222 GO:0004930 GO:0006508 GO:0007186 GO:0008237 GO:0008270 GO:0016021 GO:0031012	Scaffold2072:8845:36904:1 gene:BGLB007032	-30	-22,8
bgl-miR-71-5p	BGLB007094-PB: D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0016491	Scaffold21:654165:663795:1 gene:BGLB007094	-19	-23
bgl-miR-71-5p	BGLB007128-PB: nuclear pore complex protein Nup153-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005622 GO:0017056 GO:0046872	Scaffold2115:23018:47919:1 gene:BGLB007128	-17	-20,5
bgl-miR-71-5p	BGLB007438-PB: LOW QUALITY PROTEIN: WD repeat-containing protein 7-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold2300:12663:40230:1 gene:BGLB007438	-24	-27,8
bgl-miR-71-5p	BGLB007725-PB: sushi domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0007160 GO:0016021	Scaffold25:313580:343561:1 gene:BGLB007725	-15	-20,3
bgl-miR-71-5p	BGLB007815-PD: fibrillin-3-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0016021	Scaffold2551:9186:34812:1 gene:BGLB007815	-60	-21,3
bgl-miR-71-5p	BGLB007913-PB: cationic amino acid transporter 3-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold2626:8845:36480:1 gene:BGLB007913	-37	-23,9
bgl-miR-71-5p	BGLB008023-PB: hepatocyte growth factor receptor-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004713 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold271:145802:161002:1 gene:BGLB008023	-15	-21,6
bgl-miR-71-5p	BGLB008029-PB: UDP-GalNAc:beta-1-3-N-acetylgalactosaminyltransferase 2-like [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold271:302885:304336:1 gene:BGLB008029	-23	-27,5
bgl-miR-71-5p	BGLB008154-PB: actin-interacting protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold2799:11784:22393:1 gene:BGLB008154	-16	-21,3
bgl-miR-71-5p	BGLB008313-PB: actin- cytoplasmic-like [Bgl]	GO:0005524	Scaffold29:794615:798098:1 gene:BGLB008313	-15	-19,9
bgl-miR-71-5p	BGLB008453-PB: transmembrane protein 184C-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold30:229532:240668:1 gene:BGLB008453	-17	-25,5
bgl-miR-71-5p	BGLB008457-PB: probable cytosolic iron-sulfur protein assembly protein CIAO1 homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016226 GO:0097361	Scaffold30:330955:332932:1 gene:BGLB008457	-16	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB008457-PC: probable cytosolic iron-sulfur protein assembly protein CIAO1 homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016226 GO:0097361	Scaffold30:324318:332932:1 gene:BGLB008457	-16	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB008561-PB: synaptojanin-1-like- partial [Bgl]	GO:0005623 GO:0034595 GO:0042578 GO:0045202 GO:0046856 GO:0048488	Scaffold3063:5271:30715:1 gene:BGLB008561	-16	-21,1
bgl-miR-71-5p	BGLB008788-PB: zinc finger protein 665-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold3219:70106:74381:1 gene:BGLB008788	-15	-21,4
bgl-miR-71-5p	BGLB008796-PB: pancreas transcription factor 1 subunit alpha-like [Bgl]	GO:0046983	Scaffold3322:162141:162908:1 gene:BGLB008796	-15	-19,9
bgl-miR-71-5p	BGLB009067-PB: uncharacterized protein LOC106070661 [Bgl]	GO:0003824 GO:0004722 GO:0006470 GO:0043169 GO:0046872	Scaffold3415:6774:16518:1 gene:BGLB009067	-22	-26
bgl-miR-71-5p	BGLB009138-PB: alternative oxidase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0009916 GO:0046872 GO:0055114	Scaffold3487:27528:37355:1 gene:BGLB009138	-16	-22,2
bgl-miR-71-5p	BGLB009168-PB: sialin-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold3502:16887:27185:1 gene:BGLB009168	-19	-24,3
bgl-miR-71-5p	BGLB009279-PB: lon protease homolog- mitochondrial-like- partial [Bgl]	GO:0004176 GO:0004252 GO:0005524 GO:0006508 GO:0030163	Scaffold3607:65330:72749:1 gene:BGLB009279	-15	-17
bgl-miR-71-5p	BGLB009427-PB: uncharacterized protein LOC106071503 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold374:92910:127401:1 gene:BGLB009427	-19	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB009766-PC: putative ankyrin repeat protein RF 0381 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4010:8122:11247:1 gene:BGLB009766	-16	-19,7
bgl-miR-71-5p	BGLB010207-PB: uncharacterized protein LOC106073345 isoform X1 [Bgl]	GO:0006629 GO:0008152 GO:0016042 GO:0016787	Scaffold4466:2490:17050:1 gene:BGLB010207	-20	-26,2
bgl-miR-71-5p	BGLB010593-PA: cell wall protein DAN4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4483:100270:108801:1 gene:BGLB010593	-19	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB010593-PB: cell wall protein DAN4-like isoform X3 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4483:96600:108801:1 gene:BGLB010593	-19	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB010593-PC: cell wall protein DAN4-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4483:97202:108801:1 gene:BGLB010593	-19	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB010615-PB: uncharacterized protein LOC106074221 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0016758	Scaffold4485:104279:130871:1 gene:BGLB010615	-19	-22,4
bgl-miR-71-5p	BGLB010615-PC: uncharacterized protein LOC106074221 isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021 GO:0016758	Scaffold4485:104279:158442:1 gene:BGLB010615	-19	-22,4
bgl-miR-71-5p	BGLB010640-PB: secretin receptor-like [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016020 GO:0016021 GO:0000122 GO:0001709 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565 GO:0045596 GO:0045892	Scaffold488:10441:26055:1 gene:BGLB010640	-24	-24,5
bgl-miR-71-5p	BGLB010765-PB: uncharacterized protein LOC106074571 isoform X1 [Bgl]	GO:0000122 GO:0001709 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565 GO:0045596 GO:0045892	Scaffold50:197335:242927:1 gene:BGLB010765	-21	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB010765-PC: uncharacterized protein LOC106074571 isoform X3 [Bgl]	GO:0000122 GO:0001709 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565 GO:0045596 GO:0045892	Scaffold50:197335:205395:1 gene:BGLB010765	-21	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB010765-PD: uncharacterized protein LOC106074571 isoform X1 [Bgl]	GO:0000122 GO:0001709 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565 GO:0045596 GO:0045892	Scaffold50:197335:235485:1 gene:BGLB010765	-21	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB010779-PB: ESF1 homolog [Bgl]	GO:0005634	Scaffold50:667589:671449:1 gene:BGLB010779	-16	-25,1
bgl-miR-71-5p	BGLB010975-PB: transmembrane protein 251-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5186:18236:20733:1 gene:BGLB010975	-16	-23
bgl-miR-71-5p	BGLB011027-PB: polypeptide N-acetylglactosaminyltransferase 13-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5235:1438:14981:1 gene:BGLB011027	-21	-24,7
bgl-miR-71-5p	BGLB011132-PB: ankyrin repeat domain-containing protein 17-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0005622 GO:0035556	Scaffold5322:39295:49385:1 gene:BGLB011132	-17	-23
bgl-miR-71-5p	BGLB011306-PB: glutamine synthetase 2 cytoplasmic-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003824 GO:0004356 GO:0005524 GO:0006542 GO:0006807	Scaffold544:128632:140938:1 gene:BGLB011306	-35	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB011306-PC: glutamine synthetase 2 cytoplasmic-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003824 GO:0004356 GO:0005524 GO:0006542 GO:0006807	Scaffold544:126518:140938:1 gene:BGLB011306	-35	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB011306-PD: glutamine synthetase 2 cytoplasmic-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0004356 GO:0005524 GO:0006542 GO:0006807	Scaffold544:122722:140938:1 gene:BGLB011306	-35	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB011373-PB: alpha-(1-3)-fucosyltransferase 5-like [Bgl]	GO:0006486 GO:0008417 GO:0016020 GO:0016021 GO:0032580	Scaffold549997:2116:5369:1 gene:BGLB011373	-23	-27,3
bgl-miR-71-5p	BGLB011450-PB: UDP-N-acetylglucosamine--peptide N-acetylglucosaminyltransferase-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0006493 GO:0016757	Scaffold553014:3388:12246:1 gene:BGLB011450	-15	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB011523-PB: low quality protein: uncharacterized protein LOC106077292 [Bgl]	GO:0019825 GO:0020037	Scaffold558:1428:31780:1 gene:BGLB011523	-18	-18,5
bgl-miR-71-5p	BGLB011898-PB: tumor necrosis factor alpha-induced protein 3-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0008270	Scaffold5951:31573:36058:1 gene:BGLB011898	-20	-24,5
bgl-miR-71-5p	BGLB011905-PB: double-strand break repair protein MRE11A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004519 GO:0005634 GO:0006302 GO:0008408 GO:0016787 GO:0030145 GO:0030870 GO:0051321	Scaffold596:33244:42960:1 gene:BGLB011905	-17	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB011912-PB: zinc finger autosomal protein-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold598:55280:61168:1 gene:BGLB011912	-28	-22,8
bgl-miR-71-5p	BGLB012094-PB: dipeptidyl peptidase 4-like [Bgl]	GO:0004252 GO:0006508 GO:0008236	Scaffold61:765605:785282:1 gene:BGLB012094	-15	-21,9
bgl-miR-71-5p	BGLB012418-PB: RAD50-interacting protein 1-like- partial [Bgl]	GO:0005783 GO:0048193	Scaffold6555:345:14728:1 gene:BGLB012418	-21	-24,6
bgl-miR-71-5p	BGLB012426-PB: vacuole membrane protein 1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold657:91851:121661:1 gene:BGLB012426	-19	-26

bgl-miR-71-5p	BGLB012570-PB: low quality protein: uncharacterized protein LOC106080022 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold676:116796:131029:1 gene:BGLB012570	-17	-21,3
bgl-miR-71-5p	BGLB012921-PB: low quality protein: cytosolic non-specific dipeptidase-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016787 GO:0016805 GO:0046872	Scaffold7337:3131:21223:1 gene:BGLB012921	-18	-21,8
bgl-miR-71-5p	BGLB013059-PB: sorting nexin-12-like [Bgl]	GO:0035091	Scaffold75:561659:567167:1 gene:BGLB013059	-19	-26,4
bgl-miR-71-5p	BGLB013063-PB: uncharacterized protein LOC106050956 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0016021	Scaffold750:133769:137604:1 gene:BGLB013063	-18	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB013269-PB: sulfhydryl oxidase 1-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0016972 GO:0055114	Scaffold7885:1892:11397:1 gene:BGLB013269	-20	-27,8
bgl-miR-71-5p	BGLB013317-PB: probable E3 ubiquitin-protein ligase HERC1 [Bgl]	GO:0004842	Scaffold7938:12446:23626:1 gene:BGLB013317	-17	-22,4
bgl-miR-71-5p	BGLB013348-PB: histone acetyltransferase KAT6B-like [Bgl]	GO:0000786 GO:0003677 GO:0004402 GO:0005634 GO:0006334 GO:0006355 GO:0016573 GO:0046872	Scaffold799:80684:107188:1 gene:BGLB013348	-16	-19,3
bgl-miR-71-5p	BGLB013471-PB: tyrosyl-DNA phosphodiesterase 1-like [Bgl]	GO:0005634 GO:0006281 GO:0008081	Scaffold82:381581:397446:1 gene:BGLB013471	-17	-22
bgl-miR-71-5p	BGLB013549-PB: DDB1- and CUL4-associated factor 10-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold831:95101:100962:1 gene:BGLB013549	-18	-21,7
bgl-miR-71-5p	BGLB015992-PA: ankyrin repeat domain-containing protein 17-like [Bgl]	GO:0005515	LG4 Scaffold4403:81046:91426:1 gene:BGLB015992	-21	-21,7
bgl-miR-71-5p	BGLB016334-PA: PR domain zinc finger protein 10-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0005515	Scaffold1118:63211:75921:1 gene:BGLB016334	-21	-25,4
bgl-miR-71-5p	BGLB016430-PC: uncharacterized protein LOC106064970 isoform X4 [Bgl]	GO:0003779 GO:0005509 GO:0005515 GO:0005856 GO:0008017	LG4 Scaffold311:282603:374823:1 gene:BGLB016430	-17	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB016517-PB: liprin-alpha-1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515 GO:0045202 GO:0050808	Scaffold317:73607:118002:1 gene:BGLB016517	-20	-26,5
bgl-miR-71-5p	BGLB016579-PA: kynurenine 3-monooxygenase-like- partial [Bgl]	GO:0004502 GO:0005739 GO:0006569 GO:0016021 GO:0019805 GO:0034354 GO:0043420 GO:0071949	Scaffold2144:5221:14267:1 gene:BGLB016579	-21	-22,8
bgl-miR-71-5p	BGLB016625-PA: hephaestin-like protein 1- partial [Bgl]	GO:0005507 GO:0016491 GO:0055114	Scaffold3373:22333:41823:1 gene:BGLB016625	-19	-30,1
bgl-miR-71-5p	BGLB016630-PA: low quality protein: uncharacterized protein LOC106054754 [Bgl]	GO:0005509 GO:0007160 GO:0016021	LG24 Scaffold261:168664:233980:1 gene:BGLB016630	-20	-21,6
bgl-miR-71-5p	BGLB016846-PA: cytosolic carboxypeptidase 6-like [Bgl]	GO:0004181 GO:0006508 GO:0008270	LG4 Scaffold46:337909:399877:1 gene:BGLB016846	-17	-23,3
bgl-miR-71-5p	BGLB016951-PA: ATP-binding cassette sub-family A member 3-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016021 GO:0016887 GO:0042626 GO:0055085	LG17 Scaffold539:51942:74022:1 gene:BGLB016951	-18	-22,1
bgl-miR-71-5p	BGLB017098-PA: zinc metalloproteinase nas-14-like [Bgl]	GO:0004222 GO:0006508 GO:0008237 GO:0008270	Scaffold134:442414:444369:1 gene:BGLB017098	-18	-20,2
bgl-miR-71-5p	BGLB017305-PA: eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D-like [Bgl]	GO:0003743 GO:0005737 GO:0005852	LG34i Scaffold5:21905:29763:1 gene:BGLB017305	-16	-18,9
bgl-miR-71-5p	BGLB017371-PA: zinc finger protein basonuclin-2-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold283:221981:279947:1 gene:BGLB017371	-23	-26
bgl-miR-71-5p	BGLB017466-PA: activating signal cointegrator 1 complex subunit 3-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0005524	Scaffold1:230543:368078:1 gene:BGLB017466	-20	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB017512-PA: E3 ubiquitin-protein ligase UBR3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0008270	Scaffold58:750726:776715:1 gene:BGLB017512	-20	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB017615-PA: cell wall integrity and stress response component 2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2579:33234:53728:1 gene:BGLB017615	-18	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB017707-PA: balbiani ring protein 3-like [Bgl]	GO:0004222 GO:0005507 GO:0006508 GO:0008237 GO:0008270 GO:0016716 GO:0033162 GO:0042438 GO:0055114	LG29 Scaffold106:237762:266846:1 gene:BGLB017707	-15	-18,7
bgl-miR-71-5p	BGLB017729-PA: AP-5 complex subunit beta-1-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005622 GO:0016197	LG66i Scaffold506:50162:64385:1 gene:BGLB017729	-16	-20,2
bgl-miR-71-5p	BGLB017982-PA: ankyrin repeat domain-containing protein 27-like [Bgl]	GO:0005515	LG25 Scaffold246:312650:330219:1 gene:BGLB017982	-19	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB018183-PA: uncharacterized protein C05D11.1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0006508 GO:0046872	LG20i Scaffold745:69848:92558:1 gene:BGLB018183	-16	-21,2
bgl-miR-71-5p	BGLB018183-PB: uncharacterized protein C05D11.1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0006508 GO:0046872	LG20i Scaffold745:69848:95232:1 gene:BGLB018183	-16	-21,2
bgl-miR-71-5p	BGLB018194-PA: testin-like [Bgl]	GO:0008270	LG17 Scaffold222:131358:164976:1 gene:BGLB018194	-16	-19,3
bgl-miR-71-5p	BGLB018262-PA: ankyrin repeat and BTB/POZ domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1395:45506:60292:1 gene:BGLB018262	-23	-25,3
bgl-miR-71-5p	BGLB018323-PA: low quality protein: succinate dehydrogenase assembly factor 3- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0005739	LG24i Scaffold1006:18777:19738:1 gene:BGLB018323	-26	-18,6
bgl-miR-71-5p	BGLB018401-PA: mediator of RNA polymerase II transcription subunit 19-like isoform X2 [Bgl]	GO:0001104 GO:0006351 GO:0006357 GO:0016592	Scaffold79:157094:161781:1 gene:BGLB018401	-32	-24
bgl-miR-71-5p	BGLB018543-PA: limb region 1 protein-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6989:380:2081:1 gene:BGLB018543	-19	-22
bgl-miR-71-5p	BGLB018905-PA: uncharacterized protein LOC106068855 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold288:34276:58101:1 gene:BGLB018905	-17	-19,6
bgl-miR-71-5p	BGLB019032-PA: WD repeat-containing protein 13-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold975:43024:51675:1 gene:BGLB019032	-20	-24,5
bgl-miR-71-5p	BGLB019331-PA: uncharacterized protein LOC106051150 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021 GO:0035091	LG17 Scaffold1171:44449:65292:1 gene:BGLB019331	-18	-23
bgl-miR-71-5p	BGLB019562-PA: uncharacterized protein LOC106066451 [Bgl]	GO:0003950	Scaffold229:508337:514848:1 gene:BGLB019562	-17	-22,4
bgl-miR-71-5p	BGLB019599-PA: RBPJ-interacting and tubulin-associated protein 1-like [Bgl]	GO:0005622 GO:0007219 GO:0015631 GO:0051168	Scaffold1167:97378:99592:1 gene:BGLB019599	-17	-18,8
bgl-miR-71-5p	BGLB019788-PA: uncharacterized protein LOC106070472 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold33542:422:1619:1 gene:BGLB019788	-18	-21,5
bgl-miR-71-5p	BGLB019809-PA: uncharacterized protein LOC106050453 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold72:395365:402773:1 gene:BGLB019809	-17	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB020096-PA: kidney mitochondrial carrier protein 1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold7041:1084:1725:1 gene:BGLB020096	-25	-27,2
bgl-miR-71-5p	BGLB020198-PA: leucine-rich repeat serine/threonine-protein kinase 2-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG78i Scaffold890:22965:33590:1 gene:BGLB020198	-15	-18,3
bgl-miR-71-5p	BGLB020223-PA: glioma pathogenesis-related protein 1-like [Bgl]	GO:0005576	Scaffold3805:4786:18003:1 gene:BGLB020223	-26	-29,1
bgl-miR-71-5p	BGLB020230-PA: protein cereblon-like [Bgl]	GO:0046872	Scaffold4416:54017:63732:1 gene:BGLB020230	-40	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB020384-PA: serine/threonine-protein kinase MARK2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold269:41408:78165:1 gene:BGLB020384	-15	-21,1
bgl-miR-71-5p	BGLB020682-PA: WD repeat-containing protein mio-A-like [Bgl]	GO:0005515	LG8 Scaffold239:102291:117326:1 gene:BGLB020682	-15	-29,4
bgl-miR-71-5p	BGLB020710-PA: ankyrin repeat and KH domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold7528:7993:10275:1 gene:BGLB020710	-17	-22,1
bgl-miR-71-5p	BGLB021060-PA: uncharacterized protein LOC106074461 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold496:26839:60143:1 gene:BGLB021060	-16	-24
bgl-miR-71-5p	BGLB021268-PA: transient receptor potential cation channel subfamily M member 1-like [Bgl]	GO:0005216 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold8723:12491:38576:1 gene:BGLB021268	-25	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB021581-PA: proteolipid protein DM beta-like- partial [Bgl]	GO:0016021	LG10 Scaffold113:554229:557895:1 gene:BGLB021581	-18	-23

bgl-miR-71-5p	BGLB021647-PA: PDZ and LIM domain protein 3-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold417:160145:184685:1 gene:BGLB021647	-18	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB021741-PA: condensin complex subunit 3-like [Bgl]	GO:0000796 GO:0005488 GO:0005515 GO:0007076	Scaffold434:76507:90493:1 gene:BGLB021741	-16	-24,2
bgl-miR-71-5p	BGLB022040-PA: uncharacterized protein LOC106058824 [Bgl]	GO:0003743 GO:0006413	Scaffold112:321472:323362:1 gene:BGLB022040	-16	-22,8
bgl-miR-71-5p	BGLB022137-PA: carbonic anhydrase 1-like [Bgl]	GO:0004089 GO:0008270	Scaffold1686:12269:22683:1 gene:BGLB022137	-16	-19,6
bgl-miR-71-5p	BGLB022167-PA: carbonic anhydrase 14-like [Bgl]	GO:0004089 GO:0004435 GO:0005622 GO:0006629 GO:0007165 GO:0008270 GO:0035556	Scaffold333:333797:352312:1 gene:BGLB022167	-18	-21,6
bgl-miR-71-5p	BGLB022230-PA: olfactory receptor 5K2-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold2435:14577:17218:1 gene:BGLB022230	-16	-23,7
bgl-miR-71-5p	BGLB022250-PA: uncharacterized protein LOC106065694 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold21119:1335:1997:1 gene:BGLB022250	-17	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB022395-PA: probable RNA-binding protein EIF1AD [Bgl]	GO:0003723 GO:0003743 GO:0006413	Scaffold1828:51923:56430:1 gene:BGLB022395	-19	-23,4
bgl-miR-71-5p	BGLB022599-PA: ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0016787	Scaffold28:55455:67639:1 gene:BGLB022599	-18	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB022599-PE: ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0016787	Scaffold28:55455:68526:1 gene:BGLB022599	-18	-25,7
bgl-miR-71-5p	BGLB022619-PA: L-threonine dehydratase catabolic TdcB-like [Bgl]	GO:0006520 GO:0030170	Scaffold1266:25940:34642:1 gene:BGLB022619	-30	-21,2
bgl-miR-71-5p	BGLB022887-PA: pyridoxine-5'-phosphate oxidase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004733 GO:0008615 GO:0010181 GO:0016638 GO:0048037 GO:0055114	Scaffold2166:47148:55894:1 gene:BGLB022887	-21	-23,9
bgl-miR-71-5p	BGLB023008-PA: receptor-type tyrosine-protein phosphatase epsilon-like isoform X3 [Bgl]	GO:0004725 GO:0006470 GO:0016021 GO:0016311 GO:0016791	LG4 Scaffold1458:15849:41492:1 gene:BGLB023008	-17	-22,5
bgl-miR-71-5p	BGLB023482-PA: uncharacterized protein LOC106071770 [Bgl]	GO:0003677	Scaffold3825:7709:15865:1 gene:BGLB023482	-19	-23,9
bgl-miR-71-5p	BGLB023719-PA: cation-dependent mannose-6-phosphate receptor-like [Bgl]	GO:0000323 GO:0005537 GO:0015578 GO:0015761 GO:0016021	LG16i Scaffold213:232545:240088:1 gene:BGLB023719	-17	-19,8
bgl-miR-71-5p	BGLB023789-PA: uncharacterized protein LOC106075155 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5255:15624:20822:1 gene:BGLB023789	-16	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB023979-PA: uncharacterized protein LOC106074496 [Bgl]	GO:0005856	Scaffold4970:9383:13984:1 gene:BGLB023979	-21	-24
bgl-miR-71-5p	BGLB024760-PA: uncharacterized protein LOC106055195 [Bgl]	GO:0007155 GO:0051015	LG26 Scaffold59:49106:55212:1 gene:BGLB024760	-16	-25,3
bgl-miR-71-5p	BGLB024782-PA: BRCA1-A complex subunit BRE-like [Bgl]	GO:0070531 GO:0070552	LG8i Scaffold101:200887:208896:1 gene:BGLB024782	-22	-25
bgl-miR-71-5p	BGLB025261-PA: uncharacterized protein LOC106074434 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold495:24968:26272:1 gene:BGLB025261	-20	-23,7
bgl-miR-71-5p	BGLB025386-PA: uncharacterized protein LOC106075225 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5294:675:19905:1 gene:BGLB025386	-17	-22,1
bgl-miR-71-5p	BGLB025503-PA: legumain-like [Bgl]	GO:0006508 GO:0008233	Scaffold18:820676:841465:1 gene:BGLB025503	-15	-23
bgl-miR-71-5p	BGLB025507-PA: membrane-associated tyrosine- and threonine-specific cdc2-inhibitory kinase-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold542:67014:79179:1 gene:BGLB025507	-23	-26,8
bgl-miR-71-5p	BGLB025658-PA: atrial natriuretic peptide receptor 3-like [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold668:22293:25168:1 gene:BGLB025658	-17	-19
bgl-miR-71-5p	BGLB025774-PA: probable CDP-diacylglycerol--inositol 3-phosphatidytransferase 2 [Bgl]	GO:0008654 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016780	LG3i Scaffold478:137064:142135:1 gene:BGLB025774	-23	-26,2
bgl-miR-71-5p	BGLB025873-PA: ubiquitin-conjugating enzyme E2 H [Bgl]	GO:0005524 GO:0016740	Scaffold2189:13838:31983:1 gene:BGLB025873	-19	-26,3
bgl-miR-71-5p	BGLB025883-PA: peroxisomal sarcosine oxidase-like [Bgl]	GO:0016491 GO:0055114	Scaffold10172:3049:6680:1 gene:BGLB025883	-17	-20,3
bgl-miR-71-5p	BGLB026265-PA: ubinuclein-2-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005634 GO:0006325	Scaffold1492:65282:90697:1 gene:BGLB026265	-22	-27,9
bgl-miR-71-5p	BGLB026477-PA: selenoprotein K-like [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold37:257140:261618:1 gene:BGLB026477	-16	-20,2
bgl-miR-71-5p	BGLB026781-PA: myosin-10-like [Bgl]	GO:0005198 GO:0005882	Scaffold750:66102:79833:1 gene:BGLB026781	-17	-21,7
bgl-miR-71-5p	BGLB026825-PA: uncharacterized protein LOC106066468 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2295:37091:42748:1 gene:BGLB026825	-18	-20,7
bgl-miR-71-5p	BGLB026892-PA: TNF receptor-associated factor 2-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165 GO:0008270 GO:0042981	LG73i Scaffold498:180718:197409:1 gene:BGLB026892	-18	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB027006-PA: galactoside 2-alpha-L-fucosyltransferase 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005975 GO:0006486 GO:0008107 GO:0016020 GO:0032580	Scaffold6857:937:2950:1 gene:BGLB027006	-19	-23,5
bgl-miR-71-5p	BGLB027434-PA: ankryrin repeat- bromo and BTB domain-containing protein DDB G0293800-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold567:139284:148406:1 gene:BGLB027434	-17	-20,7
bgl-miR-71-5p	BGLB027457-PA: MORC family CW-type zinc finger protein 3-like [Bgl]	GO:0008270	LG63i Scaffold170:144330:172345:1 gene:BGLB027457	-26	-29
bgl-miR-71-5p	BGLB027473-PA: uncharacterized protein LOC106053950 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold4991:45989:47452:1 gene:BGLB027473	-16	-19,7
bgl-miR-71-5p	BGLB027474-PA: protein SPT2 homolog [Bgl]	GO:0016021	Scaffold884:74037:85238:1 gene:BGLB027474	-19	-25,1
bgl-miR-71-5p	BGLB027611-PA: uncharacterized protein LOC106055300 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG26 Scaffold13:1085136:1103944:1 gene:BGLB027611	-22	-24,8
bgl-miR-71-5p	BGLB027611-PB: uncharacterized protein LOC106055300 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG26 Scaffold13:1087725:1104041:1 gene:BGLB027611	-22	-24,8
bgl-miR-71-5p	BGLB027611-PD: uncharacterized protein LOC106055300 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG26 Scaffold13:1085136:1104041:1 gene:BGLB027611	-22	-24,8
bgl-miR-71-5p	BGLB027868-PA: serine-rich adhesin for platelets-like [Bgl]	GO:0005576 GO:0006030 GO:0008061 GO:0016021	Scaffold199:71137:97641:1 gene:BGLB027868	-15	-18,7
bgl-miR-71-5p	BGLB027923-PA: uncharacterized protein LOC106074532 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold499:145802:153304:1 gene:BGLB027923	-16	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB028363-PA: uncharacterized protein LOC106050438 [Bgl]	GO:0004725 GO:0006470 GO:0016311 GO:0016791	Scaffold72:59557:62516:1 gene:BGLB028363	-29	-25,1
bgl-miR-71-5p	BGLB028368-PA: protein HEXIM1-like [Bgl]	GO:0000122 GO:0004861 GO:0005634 GO:0005737 GO:0017069	LG24 Scaffold487:103364:104272:1 gene:BGLB028368	-19	-22,5
bgl-miR-71-5p	BGLB028618-PB: cysteine dioxygenase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005506 GO:0016702 GO:0055114	Scaffold6422:2942:14563:1 gene:BGLB028618	-18	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB028618-PC: cysteine dioxygenase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005506 GO:0016702 GO:0055114	Scaffold6422:2942:14642:1 gene:BGLB028618	-18	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB028702-PA: regulator complex protein LAMTOR5-like [Bgl]	GO:0005737 GO:0019079 GO:0043066 GO:0043154 GO:0071986	Scaffold829:77606:80587:1 gene:BGLB028702	-15	-18,8
bgl-miR-71-5p	BGLB028972-PA: toll-like receptor 3 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165 GO:0016021	LG29 Scaffold106:108058:122239:1 gene:BGLB028972	-16	-20
bgl-miR-71-5p	BGLB029445-PA: E3 ubiquitin-protein ligase RFW2D2-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold39:586996:602832:1 gene:BGLB029445	-21	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB029504-PA: uncharacterized protein LOC106079552 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold650:72042:82184:1 gene:BGLB029504	-22	-24,4
bgl-miR-71-5p	BGLB029599-PA: MFS-type transporter SLC18B1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold270:154017:204368:1 gene:BGLB029599	-18	-25,3
bgl-miR-71-5p	BGLB029599-PC: MFS-type transporter SLC18B1-like isoform X4 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold270:154017:202562:1 gene:BGLB029599	-18	-25,3

bgl-miR-71-5p	BGLB029599-PE: MFS-type transporter SLC18B1-like isoform X3 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold270:154017:170867:1 gene:BGLB029599	-18	-25,3
bgl-miR-71-5p	BGLB029611-PA: uncharacterized protein LOC106057192 [Bgl]	GO:0042981	LG80i Scaffold35:886848:907431:1 gene:BGLB029611	-16	-19,3
bgl-miR-71-5p	BGLB029678-PA: 3-keto-steroid reductase-like- partial [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1645:66127:73407:1 gene:BGLB029678	-17	-24,5
bgl-miR-71-5p	BGLB029838-PA: adhesion G protein-coupled receptor E3-like [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016021	LG6 Scaffold1654:7314:9056:1 gene:BGLB029838	-19	-22,7
bgl-miR-71-5p	BGLB030384-PA: uncharacterized protein LOC106059637 [Bgl]	GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold1229:76780:83110:1 gene:BGLB030384	-21	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB030535-PA: uncharacterized protein LOC106068139 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold271:6460:9652:1 gene:BGLB030535	-20	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB030630-PA: uncharacterized protein LOC106077201 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold556524:15727:17577:1 gene:BGLB030630	-115	-20,7
bgl-miR-71-5p	BGLB030666-PA: DNA fragmentation factor subunit alpha-like [Bgl]	GO:0005622 GO:0006915	Scaffold5362:546:4147:1 gene:BGLB030666	-16	-19,8
bgl-miR-71-5p	BGLB030999-PA: arf-GAP with Rho-GAP domain- ANK repeat and PH domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0005096 GO:0046872	Scaffold177:135657:138500:1 gene:BGLB030999	-23	-26,4
bgl-miR-71-5p	BGLB031025-PA: uncharacterized protein LOC106053519 [Bgl]	GO:0006633 GO:0016790	Scaffold9502:665:6528:1 gene:BGLB031025	-20	-25,2
bgl-miR-71-5p	BGLB031171-PA: sodium/potassium/calcium exchanger 6- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold560419:189:1469:1 gene:BGLB031171	-17	-19,8
bgl-miR-71-5p	BGLB031191-PA: annexin A7-like- partial [Bgl]	GO:0009607 GO:0016021	Scaffold9600:7709:17232:1 gene:BGLB031191	-16	-20,9
bgl-miR-71-5p	BGLB031213-PA: lysosomal thioesterase PPT2-A-like isoform X2 [Bgl]	GO:0008474 GO:0016790 GO:0098599	Scaffold3835:2615:11044:1 gene:BGLB031213	-27	-19,2
bgl-miR-71-5p	BGLB031243-PA: small RNA 2'-O-methyltransferase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0001510 GO:0008171 GO:0008173	Scaffold2367:23565:29001:1 gene:BGLB031243	-16	-19,3
bgl-miR-71-5p	BGLB031329-PA: TLC domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0016021	LG17i Scaffold597:147458:157817:1 gene:BGLB031329	-18	-21
bgl-miR-71-5p	BGLB031699-PA: phosphatidylinositol-glycan-specific phospholipase D-like [Bgl]	GO:0004621 GO:0005576	LG4 Scaffold97:416441:440505:1 gene:BGLB031699	-18	-22,2
bgl-miR-71-5p	BGLB031964-PA: uncharacterized protein LOC106067914 isoform X1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0008270	Scaffold2658:10820:16822:1 gene:BGLB031964	-40	-29,7
bgl-miR-71-5p	BGLB032060-PA: exocyst complex component 2-like [Bgl]	GO:0000145 GO:0006893	Scaffold4939:28045:39222:1 gene:BGLB032060	-21	-23,7
bgl-miR-71-5p	BGLB032096-PA: synaptotagmin-17-like [Bgl]	GO:0006887	Scaffold16696:673:2210:1 gene:BGLB032096	-17	-29
bgl-miR-71-5p	BGLB032386-PA: uncharacterized protein LOC106069093 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold2932:11335:38184:1 gene:BGLB032386	-20	-24,5
bgl-miR-71-5p	BGLB032821-PD: hepatocyte growth factor receptor-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468 GO:0016021	Scaffold835:5785:20603:1 gene:BGLB032821	-15	-16,9
bgl-miR-71-5p	BGLB032958-PA: ras-related protein Rab-28-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold878:13509:20394:1 gene:BGLB032958	-15	-20
bgl-miR-71-5p	BGLB033061-PA: peroxisomal coenzyme A diphosphatase NUDT7-like [Bgl]	GO:0016787	Scaffold563437:295:1011:1 gene:BGLB033061	-24	-26,7
bgl-miR-71-5p	BGLB033206-PA: uncharacterized protein LOC106059506 [Bgl]	GO:0006355 GO:0043565	Scaffold12103:10537:11307:1 gene:BGLB033206	-18	-23,3
bgl-miR-71-5p	BGLB033230-PA: uncharacterized protein LOC106078163 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold58:647630:648988:1 gene:BGLB033230	-27	-28,6
bgl-miR-71-5p	BGLB033315-PA: NF-kappa-B essential modulator-like [Bgl]	GO:0070530	Scaffold1365:1076:12809:1 gene:BGLB033315	-16	-21,7
bgl-miR-71-5p	BGLB033335-PA: beta-1-3-galactosyltransferase 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005794 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	LG79i Scaffold1667:7350:21025:1 gene:BGLB033335	-22	-28,7
bgl-miR-71-5p	BGLB033516-PA: uncharacterized protein LOC106052874 [Bgl]	GO:0004725 GO:0006470 GO:0016311 GO:0016791	Scaffold89:565632:571905:1 gene:BGLB033516	-21	-23,5
bgl-miR-71-5p	BGLB033525-PA: mitochondrial amidoxime reducing component 2-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0016021 GO:0030151 GO:0030170	LG4 Scaffold430:63041:70072:1 gene:BGLB033525	-18	-27,6
bgl-miR-71-5p	BGLB033581-PB: dual 3'-5'-cyclic-AMP and -GMP phosphodiesterase 11-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004114 GO:0005515 GO:0007165 GO:0008081 GO:0046872	Scaffold1383:57693:73779:1 gene:BGLB033581	-20	-24,6
bgl-miR-71-5p	BGLB033681-PA: 2-succinylbenzoate--CoA ligase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold3388:49750:52331:1 gene:BGLB033681	-16	-21,6
bgl-miR-71-5p	BGLB033976-PA: eukaryotic translation initiation factor 3 subunit J-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003743 GO:0005737 GO:0005852	Scaffold3530:2594:7891:1 gene:BGLB033976	-16	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB033976-PB: eukaryotic translation initiation factor 3 subunit J-like isoform X2 [Bgl]	GO:0001732 GO:0003743 GO:0005737 GO:0005852 GO:0016282 GO:0033290	Scaffold3530:2515:7891:1 gene:BGLB033976	-16	-22,4
bgl-miR-71-5p	BGLB033992-PA: cholesterol side-chain cleavage enzyme- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0004497 GO:0005506 GO:0016705 GO:0020037 GO:0055114	LG78i Scaffold215:216105:217467:1 gene:BGLB033992	-23	-27,8
bgl-miR-71-5p	BGLB034023-PC: cadherin-87A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	LG2 Scaffold442:564248:596951:1 gene:BGLB034023	-23	-23,2
bgl-miR-71-5p	BGLB034099-PA: uncharacterized protein LOC106055699 isoform X2 [Bgl]	GO:0005164 GO:0005515 GO:0006955 GO:0016020 GO:0016021	LG29 Scaffold486:84703:100222:1 gene:BGLB034099	-17	-21,9
bgl-miR-71-5p	BGLB034129-PA: hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003857 GO:0006631 GO:0016491 GO:0055114 GO:0070403	Scaffold1326:19565:36621:1 gene:BGLB034129	-16	-19,7
bgl-miR-71-5p	BGLB034251-PA: ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 16-like [Bgl]	GO:0006511 GO:0008270 GO:0016579 GO:0036459	LG5i Scaffold12:1112679:1126442:1 gene:BGLB034251	-18	-23,5
bgl-miR-71-5p	BGLB034427-PA: low quality protein: GTPase IMAP family member 7-like [Bgl]	GO:0005525	Scaffold20278:2093:3395:1 gene:BGLB034427	-21	-25,1
bgl-miR-71-5p	BGLB034437-PA: uncharacterized protein LOC106070405 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3336:3379:4360:1 gene:BGLB034437	-15	-19,2
bgl-miR-71-5p	BGLB034471-PA: uncharacterized protein LOC106076737 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2574:26293:29562:1 gene:BGLB034471	-17	-25
bgl-miR-71-5p	BGLB034655-PA: phosphatidylinositol 3-kinase regulatory subunit gamma-like [Bgl]	GO:0005942 GO:0035014	Scaffold429:314454:325713:1 gene:BGLB034655	-17	-25,5
bgl-miR-71-5p	BGLB034768-PA: calcium-dependent protein kinase 19-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold716:106110:112051:1 gene:BGLB034768	-16	-20,2
bgl-miR-71-5p	BGLB034768-PB: calcium-dependent protein kinase 19-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold716:106110:115757:1 gene:BGLB034768	-16	-20,2
bgl-miR-71-5p	BGLB034823-PA: DDB1- and CUL4-associated factor 6-like [Bgl]	GO:0005515	LG50i Scaffold525:166136:187420:1 gene:BGLB034823	-22	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB034894-PA: uncharacterized protein LOC106079270 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6305:9112:16687:1 gene:BGLB034894	-19	-23,4
bgl-miR-71-5p	BGLB035327-PA: microtubule-associated protein 1B-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000226 GO:0005874 GO:0008017	Scaffold598:32914:49842:1 gene:BGLB035327	-17	-21,4
bgl-miR-71-5p	BGLB035582-PA: DEP domain-containing mTOR-interacting protein-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005622 GO:0006469 GO:0032007 GO:0035556	Scaffold7166:5286:21745:1 gene:BGLB035582	-17	-22
bgl-miR-71-5p	BGLB035760-PA: alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase alkB homolog 4-like- partial [Bgl]	GO:0016491 GO:0055114 GO:0070988	Scaffold24566:1713:2240:1 gene:BGLB035760	-16	-20
bgl-miR-71-5p	BGLB035861-PA: TGF-beta-activated kinase 1 and MAP3K7-binding protein 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0046872	Scaffold4386:37444:47491:1 gene:BGLB035861	-23	-29,1
bgl-miR-71-5p	BGLB035861-PB: TGF-beta-activated kinase 1 and MAP3K7-binding protein 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0046872	Scaffold4386:37444:45045:1 gene:BGLB035861	-23	-29,1
bgl-miR-71-5p	BGLB035958-PA: sterile alpha motif domain-containing protein 9-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0042981	LG29 Scaffold27:978502:987403:1 gene:BGLB035958	-17	-20,5
bgl-miR-71-5p	BGLB036444-PA: type-1 angiotensin II receptor B-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold1838:32098:51057:1 gene:BGLB036444	-17	-19,1
bgl-miR-71-5p	BGLB036510-PA: tetratricopeptide repeat protein 23-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4728:11034:23016:1 gene:BGLB036510	-16	-21,9
bgl-miR-71-5p	BGLB036725-PA: transmembrane protein adipocyte-associated 1 homolog [Bgl]	GO:0016021	LG5i Scaffold95:158220:165317:1 gene:BGLB036725	-22	-25,5

bgl-miR-71-5p	BGLB036955-PA: uncharacterized protein LOC106055318 [Bgl]	GO:000515	LG26i Scaffold472:137395:139263:1 gene:BGLB036955	-35	-25,5
bgl-miR-71-5p	BGLB037443-PA: leucine-rich repeat and fibronectin type-III domain-containing protein 5-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold5795:11036:12997:1 gene:BGLB037443	-17	-22,6
bgl-miR-71-5p	BGLB038337-PA: uncharacterized protein LOC106063156 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold17211:1143:4158:1 gene:BGLB038337	-20	-23,6
bgl-miR-71-5p	BGLB038342-PA: uncharacterized protein LOC106069884 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3164:71592:75360:1 gene:BGLB038342	-16	-21,3
bgl-miR-71-5p	BGLB038409-PA: uncharacterized protein LOC106062253 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold16028:3076:8774:1 gene:BGLB038409	-19	-23,1
bgl-miR-71-5p	BGLB038489-PA: PHD finger protein 21A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0046872	LG19 Scaffold212:260202:275014:1 gene:BGLB038489	-16	-20,9
bgl-miR-71-5p	BGLB038489-PB: PHD finger protein 21A-like isoform X1 [Bgl]	GO:0046872	LG19 Scaffold212:261437:275014:1 gene:BGLB038489	-16	-20,9
bgl-miR-71-5p	BGLB038512-PA: uncharacterized protein LOC106074269 isoform X1 [Bgl]	GO:0006950	Scaffold4869:13512:17464:1 gene:BGLB038512	-16	-24
bgl-miR-71-5p	BGLB038512-PB: uncharacterized protein LOC106074269 isoform X1 [Bgl]	GO:0006950	Scaffold4869:16558:17464:1 gene:BGLB038512	-16	-24
bgl-miR-71-5p	BGLB038527-PA: uncharacterized protein LOC106078186 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold58:721565:731349:1 gene:BGLB038527	-19	-23,4
bgl-miR-71-5p	BGLB038609-PA: uncharacterized protein LOC106066128 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2212:35502:38197:1 gene:BGLB038609	-37	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB038644-PA: thiamin pyrophosphokinase 1-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004788 GO:0005524 GO:0006772 GO:0009229 GO:0016301 GO:0030975	Scaffold1067:88516:94996:1 gene:BGLB038644	-17	-19,4
bgl-miR-71-5p	BGLB038807-PA: receptor-type tyrosine-protein phosphatase T-like [Bgl]	GO:0004725 GO:0005001 GO:0006470	Scaffold548721:1011:3733:1 gene:BGLB038807	-20	-24,8
bgl-miR-71-5p	BGLB038934-PA: rotatin-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0005813 GO:0036064 GO:0044782	Scaffold89:139917:176030:1 gene:BGLB038934	-16	-22,9
bgl-miR-71-5p	BGLB039098-PA: uncharacterized protein LOC106056094 [Bgl]	GO:0005515	LG36i Scaffold552:75199:80715:1 gene:BGLB039098	-16	-23,5
bgl-miR-71-5p	BGLB039274-PA: uncharacterized protein LOC106054777 [Bgl]	GO:0016021	LG24 Scaffold6034:14497:17453:1 gene:BGLB039274	-15	-22,1
bgl-miR-71-5p	BGLB039466-PA: uncharacterized protein LOC106059899 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1279:47294:52204:1 gene:BGLB039466	-15	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB039466-PB: uncharacterized protein LOC106059899 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1279:44928:52204:1 gene:BGLB039466	-15	-20,4
bgl-miR-71-5p	BGLB039598-PA: uncharacterized protein LOC106058325 isoform X1 [Bgl]	GO:0008152 GO:0008203 GO:0016042 GO:0016298 GO:0016787	Scaffold107:169250:185641:1 gene:BGLB039598	-18	-22
bgl-miR-71-5p	BGLB039598-PB: uncharacterized protein LOC106058325 isoform X1 [Bgl]	GO:0008152 GO:0008203 GO:0016042 GO:0016298 GO:0016787	Scaffold107:174313:185641:1 gene:BGLB039598	-18	-22
bgl-miR-71-5p	BGLB039753-PA: transcription factor Sox-9-B-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003677 GO:0005634	LG24 Scaffold785:115195:132307:1 gene:BGLB039753	-20	-23,1
bgl-miR-71-5p	BGLB039753-PC: transcription factor Sox-9-B-like isoform X4 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003677 GO:0005634	LG24 Scaffold785:115195:130000:1 gene:BGLB039753	-20	-23,1
bgl-miR-71-5p	BGLB039790-PA: uncharacterized protein LOC106075744 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold536920:1244:4406:1 gene:BGLB039790	-17	-22
bgl-miR-71-5p	BGLB039874-PA: vam6/Vps39-like protein [Bgl]	GO:0005515 GO:0016192	LG8i Scaffold101:418519:475538:1 gene:BGLB039874	-19	-24,6
bgl-miR-71-5p	BGLB039956-PA: corticotropin-releasing factor receptor 2-like [Bgl]	GO:0004888 GO:0004930 GO:0007166 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold536:27829:73787:1 gene:BGLB039956	-21	-24,9
bgl-miR-71-5p	BGLB040279-PA: uncharacterized protein LOC106060275 [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold1334:36161:83548:1 gene:BGLB040279	-22	-29,1
bgl-miR-71-5p	BGLB040351-PA: small G protein signaling modulator 3 homolog [Bgl]	GO:0005515	LG2 Scaffold1140:3305:4543:1 gene:BGLB040351	-18	-22,8
bgl-miR-750-3p	BGLB000143-PB: bcl-2 homologous antagonist/killer-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0042981 GO:0043065	Scaffold1:216404:223934:1 gene:BGLB000143	-16	-17,6
bgl-miR-750-3p	BGLB000705-PB: sodium/nucleoside cotransporter 2-like [Bgl]	GO:0005337 GO:0016020 GO:0016021 GO:1901642	LG16i Scaffold158:246730:256880:1 gene:BGLB000705	-19	-21,9
bgl-miR-750-3p	BGLB001313-PB: semaphorin-5A-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	LG24 Scaffold17:197421:270595:1 gene:BGLB001313	-17	-22,8
bgl-miR-750-3p	BGLB001773-PB: eukaryotic peptide chain release factor GTP-binding subunit ERF3A-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	LG2 Scaffold1074:57261:69066:1 gene:BGLB001773	-17	-21,2
bgl-miR-750-3p	BGLB001838-PB: gastrula zinc finger protein XICGF8.2DB-like [Bgl]	GO:0003676	LG2 Scaffold164:492914:493897:1 gene:BGLB001838	-19	-23,7
bgl-miR-750-3p	BGLB002399-PB: zinc finger protein 62 homolog [Bgl]	GO:0003676	LG46i Scaffold473:155288:163278:1 gene:BGLB002399	-18	-22,4
bgl-miR-750-3p	BGLB002490-PB: low quality protein: kinesin-like protein KIF2A [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0005874 GO:0007018 GO:0008017	LG4 Scaffold184:175440:191831:1 gene:BGLB002490	-17	-22,9
bgl-miR-750-3p	BGLB002738-PB: uncharacterized protein LOC106061134 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	LG4 Scaffold70:493967:511346:1 gene:BGLB002738	-16	-17,6
bgl-miR-750-3p	BGLB003063-PB: Bardet-Biedl syndrome 4 protein-like [Bgl]	GO:0005515	LG6 Scaffold151:115348:127539:1 gene:BGLB003063	-17	-22,1
bgl-miR-750-3p	BGLB003067-PB: low quality protein: piezo-type mechanosensitive ion channel component 2-like [Bgl]	GO:0016021	LG6 Scaffold151:253409:328737:1 gene:BGLB003067	-19	-26
bgl-miR-750-3p	BGLB003253-PB: WD repeat-containing protein 81-like [Bgl]	GO:0005515	LG78i Scaffold144:233989:261454:1 gene:BGLB003253	-17	-20,7
bgl-miR-750-3p	BGLB003463-PB: sorbitol dehydrogenase-like [Bgl]	GO:0008270 GO:0016491 GO:0055114	LG8 Scaffold1129:97428:110329:1 gene:BGLB003463	-17	-20,4
bgl-miR-750-3p	BGLB003550-PC: golgin subfamily B member 1-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005515	LG8 Scaffold456:150147:238108:1 gene:BGLB003550	-15	-19,3
bgl-miR-750-3p	BGLB003550-PD: golgin subfamily B member 1-like isoform X5 [Bgl]	GO:0005515	LG8 Scaffold456:172503:238108:1 gene:BGLB003550	-15	-19,3
bgl-miR-750-3p	BGLB003550-PE: golgin subfamily B member 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	LG8 Scaffold456:198069:238108:1 gene:BGLB003550	-15	-19,3
bgl-miR-750-3p	BGLB003596-PB: aldose 1-epimerase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004034 GO:0005975 GO:0016853 GO:0019318 GO:0030246	LG8i Scaffold101:3516:13840:1 gene:BGLB003596	-30	-22,5
bgl-miR-750-3p	BGLB003957-PC: integral membrane protein GPR155-like isoform X4 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold105:370042:386502:1 gene:BGLB003957	-22	-25,8
bgl-miR-750-3p	BGLB004011-PB: probable phosphoglycerate mutase [Bgl]	GO:0003824 GO:0004082 GO:0004619 GO:0006096 GO:0008152 GO:0016868	Scaffold1066:68436:73225:1 gene:BGLB004011	-16	-20,2
bgl-miR-750-3p	BGLB004380-PB: RNA-binding protein Musashi homolog 2-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold1150:2402:108815:1 gene:BGLB004380	-20	-25,6
bgl-miR-750-3p	BGLB004645-PB: protein phosphatase 1G-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004722 GO:0006470 GO:0043169 GO:0046872	Scaffold1229:42983:51194:1 gene:BGLB004645	-18	-22,7
bgl-miR-750-3p	BGLB004807-PB: uncharacterized protein LOC106060009 [Bgl]	GO:0005164 GO:0005515 GO:0006955 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1294:75165:92113:1 gene:BGLB004807	-20	-21,9
bgl-miR-750-3p	BGLB004969-PB: succinate dehydrogenase [ubiquinone] cytochrome b small subunit- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0005740 GO:0005743 GO:0006099 GO:0016020 GO:0016021 GO:0046872	Scaffold1348:1698:8930:1 gene:BGLB004969	-18	-22,4
bgl-miR-750-3p	BGLB004980-PB: mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7-like isoform X2 [Bgl]	GO:0000287 GO:0004672 GO:0004709 GO:0005524 GO:0005622 GO:0006468 GO:0007165	Scaffold1354:58589:79348:1 gene:BGLB004980	-19	-22,3
bgl-miR-750-3p	BGLB005575-PB: ubiquitin-conjugating enzyme E2 D3 [Bgl]	GO:0005524 GO:0016740	Scaffold156:365393:369661:1 gene:BGLB005575	-16	-19,5
bgl-miR-750-3p	BGLB006132-PB: low quality protein: putative protocadherin beta-18 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1715:6554:28243:1 gene:BGLB006132	-23	-23,8
bgl-miR-750-3p	BGLB006386-PB: uncharacterized protein LOC106063758 [Bgl]	GO:0003676 GO:0010468	Scaffold1800:25214:29578:1 gene:BGLB006386	-29	-23,7
bgl-miR-750-3p	BGLB006410-PB: alpha-L-fucosidase-like [Bgl]	GO:0004560 GO:0005975 GO:0006004	Scaffold181:19439:28076:1 gene:BGLB006410	-15	-21,3

bgl-miR-750-3p	BGLB006993-PB: transcription factor RFX4-like [Bgl]	GO:000413 GO:0003676 GO:0003677 GO:0003755 GO:0006355 GO:0006457	Scaffold2053:4754:37135: 1 gene:BGLB006993	-15	-19,5
bgl-miR-750-3p	BGLB007569-PB: low quality protein: diacylglycerol kinase theta-like [Bgl]	GO:0003951 GO:0004143 GO:0005524 GO:0005622 GO:0007165 GO:0007205 GO:0008152 GO:0016301 GO:0035556 GO:0046872	Scaffold238:52066:79006: 1 gene:BGLB007569	-15	-25,3
bgl-miR-750-3p	BGLB007719-PB: homeobox protein Hox-A2-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006355 GO:0043565	Scaffold25:68826:72123:1 gene:BGLB007719	-21	-18,6
bgl-miR-750-3p	BGLB008993-PB: WD repeat-containing protein 53-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold3373:12632:13657: 1 gene:BGLB008993	-15	-21,8
bgl-miR-750-3p	BGLB009057-PB: acid sphingomyelinase-like phosphodiesterase 3b [Bgl]	GO:0016021 GO:0016787	Scaffold341:88143:96790: 1 gene:BGLB009057	-17	-22,2
bgl-miR-750-3p	BGLB009930-PB: GTP-binding protein ypt1-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold4183:4412:5909:1 gene:BGLB009930	-16	-21,3
bgl-miR-750-3p	BGLB009940-PB: ester hydrolase C11orf54 homolog [Bgl]	GO:0005634	Scaffold419:103305:113643:1 gene:BGLB009940	-18	-19,2
bgl-miR-750-3p	BGLB010165-PE: C-terminal-binding protein-like isoform X1 [Bgl]	GO:0008152 GO:0016616 GO:0051287 GO:0055114	Scaffold4417:43738:47422: 1 gene:BGLB010165	-16	-21,5
bgl-miR-750-3p	BGLB010170-PB: piwi-like protein 1 [Bgl]	GO:0003676 GO:0005515 GO:0031047	Scaffold443:34109:49170:1 gene:BGLB010170	-20	-25,2
bgl-miR-750-3p	BGLB010264-PB: protein inscuteable homolog [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515	Scaffold45:432447:439293:1 gene:BGLB010264	-17	-22,3
bgl-miR-750-3p	BGLB010327-PB: neuroglobin-like [Bgl]	GO:0005344 GO:0019825 GO:0020037 GO:0046872	Scaffold4555:4430:22630: 1 gene:BGLB010327	-34	-23,6
bgl-miR-750-3p	BGLB011235-PB: pre-mRNA-processing factor 39-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005634 GO:0006396 GO:0006397	Scaffold54:450680:470287: 1 gene:BGLB011235	-16	-18,9
bgl-miR-750-3p	BGLB011235-PC: pre-mRNA-processing factor 39-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005515 GO:0006396	Scaffold54:450680:462547: 1 gene:BGLB011235	-16	-18,9
bgl-miR-750-3p	BGLB011899-PB: pre-mRNA-splicing factor RBM22-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723 GO:0046872	Scaffold5951:43486:52267: 1 gene:BGLB011899	-15	-19,5
bgl-miR-750-3p	BGLB012210-PB: metallophosphoesterase 1-like [Bgl]	GO:0005737 GO:0006888 GO:0016787	Scaffold625:101447:107002: 1 gene:BGLB012210	-24	-26,1
bgl-miR-750-3p	BGLB013072-PB: mRNA-capping enzyme-like [Bgl]	GO:0004484 GO:0004651 GO:0004725 GO:0005525 GO:0005634 GO:0006370 GO:0008138 GO:0016311 GO:0016791	Scaffold7525:39186:50528: 1 gene:BGLB013072	-22	-24,8
bgl-miR-750-3p	BGLB013131-PB: GATA zinc finger domain-containing protein 1-like [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355 GO:0008270 GO:0043565	Scaffold762:45454:50728:1 gene:BGLB013131	-17	-22,5
bgl-miR-750-3p	BGLB013416-PB: zinc finger protein 665-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold811:69923:73843:1 gene:BGLB013416	-19	-22,1
bgl-miR-750-3p	BGLB013592-PB: mitogen-activated protein kinase kinase kinase 1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005488 GO:0005524 GO:0006468 GO:0008270	Scaffold838:84348:100573: 1 gene:BGLB013592	-18	-15,1
bgl-miR-750-3p	BGLB014109-PB: soluble guanylate cyclase gcy-33-like [Bgl]	GO:0000166 GO:0004383 GO:0005622 GO:0006182 GO:0009190 GO:0016021 GO:0016849 GO:0035556	Scaffold927:106751:126813:1 gene:BGLB014109	-18	-21,4
bgl-miR-750-3p	BGLB016545-PA: low-density lipoprotein receptor-related protein 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509 GO:0005515 GO:0016021	Scaffold32:609611:693768:1 gene:BGLB016545	-22	-22,7
bgl-miR-750-3p	BGLB016561-PA: uncharacterized protein LOC106063135 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold172:25359:26084:1 gene:BGLB016561	-24	-17,8
bgl-miR-750-3p	BGLB016851-PA: low quality protein: IQ and ubiquitin-like domain-containing protein [Bgl]	GO:0005515	LG17 Scaffold369:211219:217671: 1 gene:BGLB016851	-19	-26,1
bgl-miR-750-3p	BGLB016878-PA: zinc finger protein 271-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold826:107158:118571:1 gene:BGLB016878	-15	-19,4
bgl-miR-750-3p	BGLB017347-PA: zinc finger protein 37-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold1494:1931:5413:1 gene:BGLB017347	-15	-19,7
bgl-miR-750-3p	BGLB017460-PA: transcription cofactor vestigial-like protein 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0005634 GO:0006355	Scaffold73:573780:586901:1 gene:BGLB017460	-28	-22,2
bgl-miR-750-3p	BGLB017460-PC: transcription cofactor vestigial-like protein 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0005634 GO:0006355	Scaffold73:571678:586901:1 gene:BGLB017460	-28	-22,2
bgl-miR-750-3p	BGLB017830-PA: kynurenine 3-monoxygenase-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold970:153986:158683:1 gene:BGLB017830	-43	-22,6
bgl-miR-750-3p	BGLB018054-PA: SWI/SNF complex subunit SMARCC2-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0005515 GO:0016514 GO:0043044	LG7 Scaffold119:168713:204305: 1 gene:BGLB018054	-16	-24,1
bgl-miR-750-3p	BGLB019067-PB: myeloid differentiation primary response protein MyD88-like isoform X1 [Bgl]	GO:0002755 GO:0005515 GO:0007165 GO:0043123 GO:0070976	LG7 Scaffold119:267332:276602:1 gene:BGLB019067	-17	-21,5
bgl-miR-750-3p	BGLB019312-PA: caspase-3-like [Bgl]	GO:0004197 GO:0006508 GO:0008234	Scaffold584:31155:39170:1 gene:BGLB019312	-19	-21,3
bgl-miR-750-3p	BGLB019413-PA: actin- cytoplasmic-like [Bgl]	GO:0005524	Scaffold29:417974:432453:1 gene:BGLB019413	-16	-19,1
bgl-miR-750-3p	BGLB019458-PA: uncharacterized protein LOC106053267 [Bgl]	GO:0005515 GO:0008270	Scaffold926:156:29228:1 gene:BGLB019458	-18	-21,7
bgl-miR-750-3p	BGLB021250-PA: chondroitin sulfate synthase 2-like [Bgl]	GO:0008376 GO:0016021 GO:0032580	LG8 Scaffold500:204534:217550: 1 gene:BGLB021250	-27	-21,5
bgl-miR-750-3p	BGLB021329-PA: protein CREBRF homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	Scaffold28:22112:28904:1 gene:BGLB021329	-15	-19,1
bgl-miR-750-3p	BGLB021329-PB: protein CREBRF homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	Scaffold28:22791:28904:1 gene:BGLB021329	-15	-19,1
bgl-miR-750-3p	BGLB022235-PA: alpha-glucosidase YihQ-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004553 GO:0005975 GO:0016021 GO:0030246	Scaffold389:171292:198580:1 gene:BGLB022235	-19	-21,6
bgl-miR-750-3p	BGLB022505-PA: cytochrome c oxidase subunit NDUFA4-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold81:516467:519446: 1 gene:BGLB022505	-19	-25,5
bgl-miR-750-3p	BGLB022855-PA: UDP-GalNAc:beta-1-3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1-like-partial [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold21367:971:1477:1 gene:BGLB022855	-18	-24,9
bgl-miR-750-3p	BGLB022931-PA: tripartite motif-containing protein 59-like [Bgl]	GO:0005622 GO:0008270	Scaffold757:169444:171772:1 gene:BGLB022931	-16	-22,6
bgl-miR-750-3p	BGLB023658-PA: adenosine receptor A2b-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold54:99714:100985: 1 gene:BGLB023658	-17	-19,6
bgl-miR-750-3p	BGLB023921-PA: kinesin-like protein KIFC3 [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0008017 GO:0008569	Scaffold17397:2445:5780: 1 gene:BGLB023921	-23	-25,3
bgl-miR-750-3p	BGLB024134-PA: two pore calcium channel protein 1-like [Bgl]	GO:0005216 GO:0005245 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	Scaffold436:44036:67705:1 gene:BGLB024134	-16	-18,5
bgl-miR-750-3p	BGLB024613-PA: epidermal growth factor receptor-like [Bgl]	GO:0004714 GO:0005524 GO:0006468 GO:0007169 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold61:422885:436159:1 gene:BGLB024613	-15	-21,9
bgl-miR-750-3p	BGLB024873-PB: vitamin K-dependent protein S-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold253:685:5405:1 gene:BGLB024873	-15	-22,7
bgl-miR-750-3p	BGLB025768-PA: low quality protein: plasma kallikrein-like [Bgl]	GO:0004252 GO:0006508	Scaffold558803:6813:7573: 1 gene:BGLB025768	-21	-24,5
bgl-miR-750-3p	BGLB026447-PA: uncharacterized protein LOC106060185 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold132:243581:250474: 1 gene:BGLB026447	-16	-19
bgl-miR-750-3p	BGLB026964-PA: glucose-6-phosphate translocase-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	LG20 Scaffold40:333460:342270: 1 gene:BGLB026964	-19	-22,7
bgl-miR-750-3p	BGLB027227-PA: uncharacterized protein LOC106051055 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold755:101711:123270:1 gene:BGLB027227	-17	-21,8
bgl-miR-750-3p	BGLB027321-PA: trithorax group protein osa-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006355	LG24 Scaffold476:124678:141581:1 gene:BGLB027321	-19	-22,3
bgl-miR-750-3p	BGLB027612-PA: 5'-nucleotidase-like [Bgl]	GO:0009166 GO:0016787	Scaffold563982:3266:5188: 1 gene:BGLB027612	-21	-24,5
bgl-miR-750-3p	BGLB027987-PB: uncharacterized protein LOC106079746 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6605:4349:27169:1 gene:BGLB027987	-18	-26,6



bgl-miR-750-3p	BGLB028610-PA: low quality protein: ribonuclease P protein subunit p29-like [Bgl]	GO:000172 GO:0001682 GO:0003723 GO:0004526 GO:0004540 GO:0005655 GO:0006379 GO:0006396 GO:0008033 GO:0030677	Scaffold4570:13625:33325:1 gene:BGLB028610	-15	-19,1
bgl-miR-750-3p	BGLB029621-PA: fructose-2-6-bisphosphatase TIGAR B-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152	Scaffold55:104021:111640:1 gene:BGLB029621	-72	-15,3
bgl-miR-750-3p	BGLB030100-PC: uncharacterized protein LOC106056966 isoform X2 [Bgl]	GO:0006508 GO:0008236	LG2 Scaffold727:155769:157399:1 gene:BGLB030100	-20	-23,7
bgl-miR-750-3p	BGLB030100-PF: uncharacterized protein LOC106056966 isoform X2 [Bgl]	GO:0006508 GO:0008236	LG2 Scaffold727:155581:157399:1 gene:BGLB030100	-20	-23,7
bgl-miR-750-3p	BGLB030133-PA: histone acetyltransferase GCN5-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold539629:494:1752:1 gene:BGLB030133	-17	-21,9
bgl-miR-750-3p	BGLB030324-PA: transcription initiation factor IIA subunit 1-like [Bgl]	GO:0005672 GO:0006367	Scaffold7999:6471:19723:1 gene:BGLB030324	-19	-23,1
bgl-miR-750-3p	BGLB030598-PA: cullin-2-like [Bgl]	GO:0006511 GO:0031461 GO:0031625	Scaffold1379:50187:69409:1 gene:BGLB030598	-17	-22,2
bgl-miR-750-3p	BGLB031030-PA: p53 apoptosis effector related to PMP-22-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold44327:15754:20353:1 gene:BGLB031030	-16	-21,2
bgl-miR-750-3p	BGLB031417-PA: epithelial membrane protein 2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4964:8341:13211:1 gene:BGLB031417	-21	-16,6
bgl-miR-750-3p	BGLB031941-PA: uncharacterized protein LOC106060266 isoform X2 [Bgl]	GO:0005085 GO:0005089 GO:0005622 GO:0035023 GO:0035556	Scaffold1332:46468:59806:1 gene:BGLB031941	-26	-19,2
bgl-miR-750-3p	BGLB032102-PA: proteasome maturation protein-like [Bgl]	GO:0043248	Scaffold4068:30131:36613:1 gene:BGLB032102	-20	-26
bgl-miR-750-3p	BGLB032421-PA: S-acyl fatty acid synthase thioesterase- medium chain-like [Bgl]	GO:0009058 GO:0016788	Scaffold1580:3021:5817:1 gene:BGLB032421	-17	-26,7
bgl-miR-750-3p	BGLB032924-PA: rho guanine nucleotide exchange factor 18-like [Bgl]	GO:0005089 GO:0035023	Scaffold3607:6854:25138:1 gene:BGLB032924	-29	-23,8
bgl-miR-750-3p	BGLB033088-PA: uncharacterized protein LOC106051333 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold778:100886:107165:1 gene:BGLB033088	-25	-25,1
bgl-miR-750-3p	BGLB033490-PA: uncharacterized protein LOC106052875 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold89:433780:497400:1 gene:BGLB033490	-16	-20,6
bgl-miR-750-3p	BGLB034328-PA: uncharacterized protein LOC106077444 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold559806:10224:16220:1 gene:BGLB034328	-16	-20,1
bgl-miR-750-3p	BGLB034356-PB: gastrula zinc finger protein XICGF8.2DB-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003676	LG2 Scaffold164:473002:474081:1 gene:BGLB034356	-17	-21,5
bgl-miR-750-3p	BGLB034628-PA: ras-related and estrogen-regulated growth inhibitor-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525 GO:0007165 GO:0016020	Scaffold269:121520:210611:1 gene:BGLB034628	-25	-27,6
bgl-miR-750-3p	BGLB034659-PA: interleukin-1 receptor-associated kinase 1-binding protein 1 homolog [Bgl]	GO:0005622 GO:0006955 GO:0007249	Scaffold773:75112:77326:1 gene:BGLB034659	-16	-20,6
bgl-miR-750-3p	BGLB036000-PA: uncharacterized protein LOC106065725 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2117:30813:44861:1 gene:BGLB036000	-15	-20,8
bgl-miR-750-3p	BGLB036283-PA: uncharacterized protein LOC106068229 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold274:123624:128705:1 gene:BGLB036283	-22	-22,5
bgl-miR-750-3p	BGLB036334-PA: uncharacterized protein LOC106075996 isoform X3 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold54:485554:497500:1 gene:BGLB036334	-16	-22,9
bgl-miR-750-3p	BGLB036667-PA: uncharacterized protein LOC106055845 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG30 Scaffold16112:3279:7858:1 gene:BGLB036667	-17	-22,9
bgl-miR-750-3p	BGLB036667-PB: uncharacterized protein LOC106055845 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG30 Scaffold16112:3279:7315:1 gene:BGLB036667	-17	-22,9
bgl-miR-750-3p	BGLB037228-PA: YEATS domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0005634 GO:0006355	LG24 Scaffold406:97679:118814:1 gene:BGLB037228	-17	-23,6
bgl-miR-750-3p	BGLB037841-PA: formin-J-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005884 GO:0008017 GO:0035556 GO:0045010	Scaffold2244:56664:70574:1 gene:BGLB037841	-15	-19,3
bgl-miR-750-3p	BGLB037841-PB: formin-J-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005884 GO:0008017 GO:0035556 GO:0045010	Scaffold2244:31199:70574:1 gene:BGLB037841	-15	-19,3
bgl-miR-750-3p	BGLB037841-PC: formin-J-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005884 GO:0008017 GO:0035556 GO:0045010	Scaffold2244:38089:70574:1 gene:BGLB037841	-15	-19,3
bgl-miR-750-3p	BGLB038267-PA: uncharacterized protein LOC106073771 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4643:1358:8158:1 gene:BGLB038267	-17	-21,7
bgl-miR-750-3p	BGLB039258-PA: EF-hand calcium-binding domain-containing protein 2-like [Bgl]	GO:0005509	LG781 Scaffold11:1018251:1025454:1 gene:BGLB039258	-18	-23,8
bgl-miR-8-3p	BGLB000616-PB: GA-binding protein subunit beta-1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	LG12 Scaffold280:175136:188674:1 gene:BGLB000616	-16	-19,4
bgl-miR-8-3p	BGLB000616-PD: GA-binding protein subunit beta-1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	LG12 Scaffold280:180171:188674:1 gene:BGLB000616	-16	-19,4
bgl-miR-8-3p	BGLB000805-PB: dipeptidyl peptidase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0006508 GO:0008234	LG17 Scaffold264:234705:242247:1 gene:BGLB000805	-17	-21,1
bgl-miR-8-3p	BGLB000901-PB: protein MON2 homolog [Bgl]	GO:0015031	LG17 Scaffold574:115481:119211:1 gene:BGLB000901	-17	-23,1
bgl-miR-8-3p	BGLB000906-PB: inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 1b-like isoform X2 [Bgl]	GO:000166 GO:0003824 GO:0003938 GO:0005737 GO:0006164 GO:0006177 GO:0016491 GO:0046872 GO:0055114	LG17 Scaffold630:13791:44039:1 gene:BGLB000906	-19	-22,3
bgl-miR-8-3p	BGLB000906-PC: inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 1b-like isoform X3 [Bgl]	GO:000166 GO:0003824 GO:0003938 GO:0005737 GO:0006164 GO:0006177 GO:0016491 GO:0046872 GO:0055114	LG17 Scaffold630:13791:29129:1 gene:BGLB000906	-19	-22,3
bgl-miR-8-3p	BGLB000906-PE: inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 1b-like isoform X1 [Bgl]	GO:000166 GO:0003824 GO:0003938 GO:0005737 GO:0006164 GO:0006177 GO:0016491 GO:0046872 GO:0055114	LG17 Scaffold630:13791:27473:1 gene:BGLB000906	-19	-22,3
bgl-miR-8-3p	BGLB000906-PF: inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 1b-like isoform X1 [Bgl]	GO:000166 GO:0003824 GO:0003938 GO:0005737 GO:0006164 GO:0006177 GO:0016491 GO:0046872 GO:0055114	LG17 Scaffold630:13791:34776:1 gene:BGLB000906	-19	-22,3
bgl-miR-8-3p	BGLB001084-PB: zinc finger protein 658B-like [Bgl]	GO:0003676	LG20 Scaffold297:282698:290788:1 gene:BGLB001084	-20	-21,4
bgl-miR-8-3p	BGLB001127-PB: ephrin-B2-like [Bgl]	GO:0016020	LG20 Scaffold40:201937:206124:1 gene:BGLB001127	-16	-18,7
bgl-miR-8-3p	BGLB001160-PB: delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003842 GO:0008152 GO:0010133 GO:0016491 GO:0016620 GO:0055114	LG21 Scaffold104:78832:90725:1 gene:BGLB001160	-24	-18,7
bgl-miR-8-3p	BGLB001160-PD: delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003842 GO:0008152 GO:0010133 GO:0016491 GO:0016620 GO:0055114	LG21 Scaffold104:78832:91701:1 gene:BGLB001160	-24	-18,7
bgl-miR-8-3p	BGLB001160-PE: delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase- mitochondrial-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003842 GO:0008152 GO:0010133 GO:0016491 GO:0016620 GO:0055114	LG21 Scaffold104:78832:87789:1 gene:BGLB001160	-24	-18,7
bgl-miR-8-3p	BGLB001186-PB: uncharacterized protein LOC106054668 [Bgl]	GO:0005622 GO:0008270	LG21 Scaffold1664:3058:13055:1 gene:BGLB001186	-17	-19,1
bgl-miR-8-3p	BGLB001480-PB: ATP-binding cassette sub-family G member 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005524 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016887	LG26 Scaffold59:277579:298867:1 gene:BGLB001480	-19	-23,1
bgl-miR-8-3p	BGLB001683-PB: carbohydrate sulfotransferase 15-like [Bgl]	GO:0008146 GO:0016021	LG29 Scaffold27:131407:158839:1 gene:BGLB001683	-17	-20,5
bgl-miR-8-3p	BGLB001869-PB: uncharacterized protein LOC106051374 [Bgl]	GO:0005525 GO:0006508 GO:0007267 GO:0007275 GO:0008233	LG2 Scaffold214:45302:57183:1 gene:BGLB001869	-21	-22,2
bgl-miR-8-3p	BGLB001890-PB: chondroitin sulfate N-acetylglucosaminyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0008376 GO:0032580	LG2 Scaffold2363:7438:23433:1 gene:BGLB001890	-22	-18,9
bgl-miR-8-3p	BGLB002193-PB: protein-S-isoprenylcysteine O-methyltransferase-like [Bgl]	GO:0004671 GO:0005783 GO:0005789 GO:0006481 GO:0016021	LG35i Scaffold9:184884:192804:1 gene:BGLB002193	-17	-19,9
bgl-miR-8-3p	BGLB002276-PB: protein polyglycylase TTL10-like [Bgl]	GO:0006464	LG3 Scaffold555:56019:71914:1 gene:BGLB002276	-16	-23,7
bgl-miR-8-3p	BGLB002564-PB: cell division cycle protein 20 homolog [Bgl]	GO:0005515 GO:0010997 GO:0031145 GO:0097027 GO:1904668	LG4 Scaffold2867:24444:33057:1 gene:BGLB002564	-15	-16,9
bgl-miR-8-3p	BGLB002732-PB: tubulin polyglutamylase TTL4-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0006464 GO:0016021	LG4 Scaffold70:245539:248888:1 gene:BGLB002732	-15	-19,8

bgl-miR-8-3p	BGLB002776-PB: ankyrin repeat domain-containing protein 49-like [Bgl]	GO:0005515	LG4 Scaffold8:861734:865983:1 gene:BGLB002776	-15	-18
bgl-miR-8-3p	BGLB002822-PB: low quality protein: long-chain-fatty-acid--CoA ligase 4-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0008152 GO:0016021	LG4i Scaffold22:390974:405226:1 gene:BGLB002822	-16	-24
bgl-miR-8-3p	BGLB002919-PB: short-chain specific acyl-CoA dehydrogenase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003995 GO:0016627 GO:0050660 GO:0055114	LG5 Scaffold183:273248:283135:1 gene:BGLB002919	-25	-17,8
bgl-miR-8-3p	BGLB003091-PB: kinesin-like protein KIF15 [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0008017	LG6 Scaffold394:199768:233609:1 gene:BGLB003091	-15	-17,7
bgl-miR-8-3p	BGLB003221-PB: 2-aminoethylphosphonate--pyruvate transaminase-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004760 GO:0008453 GO:0019700 GO:0047304	LG78i Scaffold11:517185:522541:1 gene:BGLB003221	-19	-20,3
bgl-miR-8-3p	BGLB003263-PB: dehydrogenase/reductase SDR family member 7-like- partial [Bgl]	GO:0016491	LG78i Scaffold15725:11585:19037:1 gene:BGLB003263	-31	-20,1
bgl-miR-8-3p	BGLB003476-PB: 4-trimethylaminobutylaldehyde dehydrogenase-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016491 GO:0016620 GO:0055114	LG8 Scaffold135:127623:133339:1 gene:BGLB003476	-26	-18,3
bgl-miR-8-3p	BGLB003506-PB: dual specificity protein phosphatase 19-like [Bgl]	GO:0004725 GO:0006470 GO:0008138 GO:0016311 GO:0016791	LG8 Scaffold239:67561:71174:1 gene:BGLB003506	-19	-21,2
bgl-miR-8-3p	BGLB003690-PB: dynein heavy chain 5- axonemal-like [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0016887 GO:0030286	Scaffold10:25524:73892:1 gene:BGLB003690	-19	-21,5
bgl-miR-8-3p	BGLB003698-PB: ras-related protein Rab-39B-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold10:480991:482268:1 gene:BGLB003698	-20	-20,7
bgl-miR-8-3p	BGLB003707-PB: E3 ubiquitin-protein ligase listerin-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0008270	Scaffold10:859860:877669:1 gene:BGLB003707	-18	-21,6
bgl-miR-8-3p	BGLB003852-PB: BTB/POZ domain-containing protein 9-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold103:99913:112149:1 gene:BGLB003852	-17	-20,1
bgl-miR-8-3p	BGLB004449-PB: arylacetamide deacetylase-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016787	Scaffold117:3496:11077:1 gene:BGLB004449	-16	-20,3
bgl-miR-8-3p	BGLB004484-PB: fatty acid-binding protein- muscle-like [Bgl]	GO:0008289	Scaffold1181:111842:115894:1 gene:BGLB004484	-24	-19,2
bgl-miR-8-3p	BGLB004631-PB: SH3 domain-containing protein 19-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold12224:5498:12414:1 gene:BGLB004631	-20	-21,1
bgl-miR-8-3p	BGLB004734-PB: protein HIRA-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0005634 GO:0006325 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold1273:13068:33980:1 gene:BGLB004734	-37	-23,9
bgl-miR-8-3p	BGLB004836-PB: disrupted in renal carcinoma protein 2 homolog [Bgl]	GO:0016021	Scaffold13010:16104:18660:1 gene:BGLB004836	-16	-17,6
bgl-miR-8-3p	BGLB004859-PB: S phase cyclin A-associated protein in the endoplasmic reticulum-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003676 GO:0008270	Scaffold1311:17986:41214:1 gene:BGLB004859	-16	-19,1
bgl-miR-8-3p	BGLB004938-PB: fatty acid desaturase 2-like [Bgl]	GO:0006629 GO:0016021 GO:0016491	Scaffold134:31027:40005:1 gene:BGLB004938	-24	-18,1
bgl-miR-8-3p	BGLB005210-PB: ras-related protein Rap-2c-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525 GO:0007165 GO:0016020	Scaffold143:210857:211396:1 gene:BGLB005210	-17	-21,6
bgl-miR-8-3p	BGLB005217-PB: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 6-like [Bgl]	GO:0000413 GO:0003755 GO:0006457	Scaffold1430:25885:30121:1 gene:BGLB005217	-26	-19,6
bgl-miR-8-3p	BGLB005282-PB: ammonium transporter Rh type A-like [Bgl]	GO:0008519 GO:0015696 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold1457:14822:36201:1 gene:BGLB005282	-24	-18,1
bgl-miR-8-3p	BGLB005475-PB: heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 27C-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold153:153047:162419:1 gene:BGLB005475	-16	-21
bgl-miR-8-3p	BGLB005572-PB: dimethylamine monooxygenase [N-oxide-forming] 5-like [Bgl]	GO:0004499 GO:0016021 GO:0050660 GO:0050661 GO:0055114	Scaffold156:307223:320431:1 gene:BGLB005572	-18	-22,4
bgl-miR-8-3p	BGLB005588-PB: low quality protein: phosphomannomutase 1-like- partial [Bgl]	GO:0004615 GO:0005737 GO:0009298	Scaffold15621:610:6113:1 gene:BGLB005588	-16	-19,8
bgl-miR-8-3p	BGLB005793-PB: tribbles homolog 3-like [Bgl]	GO:0003714 GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold1609:24713:29175:1 gene:BGLB005793	-19	-16,9
bgl-miR-8-3p	BGLB005923-PB: L-asparaginase-like [Bgl]	GO:0004067 GO:0005515 GO:0006520	Scaffold1648:44875:56706:1 gene:BGLB005923	-16	-18,8
bgl-miR-8-3p	BGLB006207-PB: beta-catenin-like protein 1 [Bgl]	GO:0005488	Scaffold1748:14864:29660:1 gene:BGLB006207	-15	-18,5
bgl-miR-8-3p	BGLB006462-PB: uncharacterized protein LOC106063952 [Bgl]	GO:0046983	Scaffold1831:23473:25839:1 gene:BGLB006462	-16	-20,8
bgl-miR-8-3p	BGLB006812-PB: phosphate carrier protein- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold1970:10368:14093:1 gene:BGLB006812	-20	-23,5
bgl-miR-8-3p	BGLB006829-PB: exportin-7-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005488 GO:0005634 GO:0006886 GO:0008536	Scaffold1983:2952:21462:1 gene:BGLB006829	-15	-19,2
bgl-miR-8-3p	BGLB006835-PB: RNA-binding protein 1-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	Scaffold1988:3832:7404:1 gene:BGLB006835	-21	-24,9
bgl-miR-8-3p	BGLB007392-PB: low quality protein: copper-transporting ATPase 1-like [Bgl]	GO:0000166 GO:0005507 GO:0006812 GO:0016021 GO:0019829 GO:0030001 GO:0046872	Scaffold229:38530:58798:1 gene:BGLB007392	-16	-19,3
bgl-miR-8-3p	BGLB007884-PB: sodium- and chloride-dependent GABA transporter ine-like [Bgl]	GO:0005528 GO:0006836 GO:0016021	Scaffold260:229872:254510:1 gene:BGLB007884	-16	-19,8
bgl-miR-8-3p	BGLB007973-PB: homeobox protein cut-like 1 isoform X2 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355 GO:0043565	Scaffold268:194971:208627:1 gene:BGLB007973	-15	-19
bgl-miR-8-3p	BGLB008073-PC: low-density lipoprotein receptor-related protein 8-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold2746:50675:55151:1 gene:BGLB008073	-18	-23,5
bgl-miR-8-3p	BGLB008389-PB: protein jagged-1-like [Bgl]	GO:0005112 GO:0005509 GO:0005515 GO:0007154 GO:0007219 GO:0007275 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold295:123021:150677:1 gene:BGLB008389	-33	-22,5
bgl-miR-8-3p	BGLB008665-PB: tubulin beta-4 chain [Bgl]	GO:0003924 GO:0005200 GO:0005525 GO:0005737 GO:0005874 GO:0007017	Scaffold3142:31112:37386:1 gene:BGLB008665	-17	-22,7
bgl-miR-8-3p	BGLB008881-PB: acyl-CoA dehydrogenase family member 10-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016627 GO:0016787 GO:0050660 GO:0055114	Scaffold33:709841:733611:1 gene:BGLB008881	-27	-18,6
bgl-miR-8-3p	BGLB008963-PB: lanosterol synthase-like [Bgl]	GO:0016866	Scaffold3348:51811:62866:1 gene:BGLB008963	-28	-19,9
bgl-miR-8-3p	BGLB008969-PC: ras-related protein Rab-35-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold3354:47391:57395:1 gene:BGLB008969	-15	-21,6
bgl-miR-8-3p	BGLB009144-PB: allatostatin-A receptor-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0004983 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold349:25297:26433:1 gene:BGLB009144	-16	-21,2
bgl-miR-8-3p	BGLB009223-PB: anaphase-promoting complex subunit 10-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005680 GO:0007049 GO:0031145 GO:0051301	Scaffold3554:16836:22955:1 gene:BGLB009223	-15	-18
bgl-miR-8-3p	BGLB009291-PC: transcription factor COE3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355 GO:0007275 GO:0046872 GO:0046983	Scaffold362:68485:116478:1 gene:BGLB009291	-27	-18,4
bgl-miR-8-3p	BGLB009304-PB: sorting nexin-6-like [Bgl]	GO:0005622 GO:0006886 GO:0035091	Scaffold363:261524:267127:1 gene:BGLB009304	-18	-20,6
bgl-miR-8-3p	BGLB009376-PB: zinc finger and BTB domain-containing protein 24-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold3692:34775:36824:1 gene:BGLB009376	-36	-22,5
bgl-miR-8-3p	BGLB009562-PC: transcriptional repressor CTCF-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold3856:29110:30084:1 gene:BGLB009562	-18	-20,2
bgl-miR-8-3p	BGLB009913-PB: MAP kinase-activating death domain protein-like isoform X13 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold417:61583:93564:1 gene:BGLB009913	-19	-23,7
bgl-miR-8-3p	BGLB009919-PF: universal stress protein YxiE-like isoform X1 [Bgl]	GO:0006950	Scaffold4174:10668:18511:1 gene:BGLB009919	-26	-23,1
bgl-miR-8-3p	BGLB009919-PG: universal stress protein YxiE-like isoform X1 [Bgl]	GO:0006950	Scaffold4174:10668:18511:1 gene:BGLB009919	-26	-23,1
bgl-miR-8-3p	BGLB009919-PG: universal stress protein Slh1388-like isoform X2 [Bgl]	GO:0006950	Scaffold4174:10668:18511:1 gene:BGLB009919	-26	-23,1
bgl-miR-8-3p	BGLB009982-PB: sialin-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold423:88715:99572:1 gene:BGLB009982	-15	-20,7
bgl-miR-8-3p	BGLB009989-PB: uncharacterized protein LOC106072853 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355 GO:0046983	Scaffold424:150638:153951:1 gene:BGLB009989	-20	-21,1
bgl-miR-8-3p	BGLB009999-PB: E3 ubiquitin-protein ligase TRIM23-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0005525 GO:0005622 GO:0008270	Scaffold425:69879:79082:1 gene:BGLB009999	-19	-23,7

bgl-miR-8-3p	BGLB010322-PB: alpha-(1-3)-fucosyltransferase C-like [Bgl]	GO:0006486 GO:0008417 GO:0016020 GO:0016021 GO:0032580	Scaffold455:218941:231599:1 gene:BGLB010322	-16	-21,1
bgl-miR-8-3p	BGLB010339-PB: kelch-like protein 28 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold4569:25658:28878:1 gene:BGLB010339	-27	-19,9
bgl-miR-8-3p	BGLB010662-PB: ATP-binding cassette sub-family A member 3-like [Bgl]	GO:0005524 GO:0016021 GO:0016887 GO:0042626 GO:0055085	Scaffold490:160535:180132:1 gene:BGLB010662	-18	-21,6
bgl-miR-8-3p	BGLB010746-PB: GTP-binding protein YPTM1-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold499:26373:28692:1 gene:BGLB010746	-16	-19,5
bgl-miR-8-3p	BGLB010875-PD: mucin-4-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003713 GO:0005634	Scaffold51:177262:221146:1 gene:BGLB010875	-21	-24,2
bgl-miR-8-3p	BGLB010935-PB: prostaglandin G/H synthase 2-like [Bgl]	GO:0004601 GO:0006979 GO:0020037 GO:0055114	Scaffold514:69540:80491:1 gene:BGLB010935	-16	-19,6
bgl-miR-8-3p	BGLB010941-PB: cysteine and histidine-rich protein 1-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0005634 GO:0006511 GO:0007275 GO:0008270	Scaffold5148:440009:51964:1 gene:BGLB010941	-19	-22,8
bgl-miR-8-3p	BGLB010973-PB: pyrroline-5-carboxylate reductase 2-like [Bgl]	GO:0004735 GO:0006561 GO:0055114	Scaffold5184:629:4559:1 gene:BGLB010973	-27	-18,2
bgl-miR-8-3p	BGLB011145-PB: gamma-aminobutyric acid receptor alpha-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004888 GO:0004890 GO:0005216 GO:0005230 GO:0005886 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0034220	Scaffold533:16523:89727:1 gene:BGLB011145	-16	-19
bgl-miR-8-3p	BGLB011145-PC: gamma-aminobutyric acid receptor alpha-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004888 GO:0004890 GO:0005216 GO:0005230 GO:0005886 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0034220	Scaffold533:25202:89727:1 gene:BGLB011145	-16	-19
bgl-miR-8-3p	BGLB011861-PB: organic cation transporter protein-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold5901:5756:17765:1 gene:BGLB011861	-15	-19,3
bgl-miR-8-3p	BGLB011886-PB: low quality protein: carbamoyl-phosphate synthase [ammonia]- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0004088 GO:0005524 GO:0006207 GO:0006541 GO:0006807 GO:0046872	Scaffold594:39338:62310:1 gene:BGLB011886	-17	-20,8
bgl-miR-8-3p	BGLB012108-PB: aminomethyltransferase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0004047 GO:0005515 GO:0005739 GO:0006546 GO:0008483	Scaffold612:85241:95744:1 gene:BGLB012108	-26	-18,2
bgl-miR-8-3p	BGLB012721-PB: group XV phospholipase A2-like [Bgl]	GO:0006629 GO:0008374	Scaffold6992:4424:11288:1 gene:BGLB012721	-29	-21
bgl-miR-8-3p	BGLB012771-PB: sodium-dependent phosphate transport protein 2A-like [Bgl]	GO:0015321 GO:0016020 GO:0016021 GO:0044341	Scaffold709:130915:135874:1 gene:BGLB012771	-19	-22
bgl-miR-8-3p	BGLB012901-PF: probable palmitoyltransferase ZDHHC14 isoform X7 [Bgl]	GO:0016021 GO:0019706	Scaffold73:38509:82550:1 gene:BGLB012901	-15	-19,9
bgl-miR-8-3p	BGLB013070-PB: TNF receptor-associated factor 3-like [Bgl]	GO:0001817 GO:0005164 GO:0005515 GO:0007165 GO:0008063 GO:0008270 GO:0032088 GO:0033209 GO:0042981 GO:0045087 GO:0046872 GO:0050688	Scaffold7514:9847:18364:1 gene:BGLB013070	-25	-19,4
bgl-miR-8-3p	BGLB013161-PB: amidophosphoribosyltransferase-like [Bgl]	GO:0004044 GO:0006189 GO:0009113 GO:0046872 GO:0051536	Scaffold766:88850:97598:1 gene:BGLB013161	-16	-20,2
bgl-miR-8-3p	BGLB013258-PB: dynein heavy chain 5- axonemal-like [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0016887 GO:0030286	Scaffold786:17140:123571:1 gene:BGLB013258	-26	-21
bgl-miR-8-3p	BGLB013455-PB: hemocyte protein-glutamine gamma-glutamyltransferase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003810 GO:0018149 GO:0046872	Scaffold819:89836:106202:1 gene:BGLB013455	-34	-26,3
bgl-miR-8-3p	BGLB013455-PC: hemocyte protein-glutamine gamma-glutamyltransferase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003810 GO:0018149 GO:0046872	Scaffold819:71412:106202:1 gene:BGLB013455	-34	-26,3
bgl-miR-8-3p	BGLB013455-PD: hemocyte protein-glutamine gamma-glutamyltransferase-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003810 GO:0018149 GO:0046872	Scaffold819:54974:106202:1 gene:BGLB013455	-34	-26,3
bgl-miR-8-3p	BGLB013535-PC: excitatory amino acid transporter-like [Bgl]	GO:0015293 GO:0016021	Scaffold83:188240:199882:1 gene:BGLB013535	-16	-19,1
bgl-miR-8-3p	BGLB014025-PB: cyclin-dependent kinase 11B-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold9147:36123:48919:1 gene:BGLB014025	-18	-15,6
bgl-miR-8-3p	BGLB014025-PC: cyclin-dependent kinase 11B-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold9147:34105:48919:1 gene:BGLB014025	-18	-15,6
bgl-miR-8-3p	BGLB014248-PB: hsc70-interacting protein-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0046983	Scaffold960:79646:94283:1 gene:BGLB014248	-19	-19,3
bgl-miR-8-3p	BGLB014308-PB: leucine-rich repeat-containing protein 57-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold973:62090:67325:1 gene:BGLB014308	-24	-18,4
bgl-miR-8-3p	BGLB014308-PC: leucine-rich repeat-containing protein 57-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold973:59092:67325:1 gene:BGLB014308	-24	-18,4
bgl-miR-8-3p	BGLB016395-PA: one cut domain family member 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0006351 GO:0006355	Scaffold50:415628:451087:1 gene:BGLB016395	-18	-20,1
bgl-miR-8-3p	BGLB016434-PA: hemicentin-1-like [Bgl]	GO:0005509	Scaffold2066:34268:49172:1 gene:BGLB016434	-27	-17,8
bgl-miR-8-3p	BGLB016668-PA: uncharacterized protein LOC106055622 isoform X2 [Bgl]	GO:0005975 GO:0016021 GO:0016757	LG29 Scaffold14:421109:480819:1 gene:BGLB016668	-17	-20,8
bgl-miR-8-3p	BGLB016932-PA: hexokinase-1-like [Bgl]	GO:0001678 GO:0004396 GO:0005524 GO:0005536 GO:0005623 GO:0005975 GO:0006096 GO:0016773	LG5 Scaffold299:289659:300708:1 gene:BGLB016932	-18	-22,1
bgl-miR-8-3p	BGLB017018-PA: uncharacterized protein LOC106066744 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold235:30115:36162:1 gene:BGLB017018	-21	-17,8
bgl-miR-8-3p	BGLB017224-PA: phosphorylase b kinase gamma catalytic chain- skeletal muscle/heart isoform-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0004689 GO:0005516 GO:0005524 GO:0005964 GO:0005978 GO:0006468 GO:0016021	Scaffold3511:29892:53084:1 gene:BGLB017224	-26	-28,7
bgl-miR-8-3p	BGLB017344-PA: leucine-rich repeat-containing protein 42-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold2858:68532:72588:1 gene:BGLB017344	-26	-20,2
bgl-miR-8-3p	BGLB017487-PA: nidogen-2-like- partial [Bgl]	GO:0005509 GO:0016021	Scaffold4467:7130:22793:1 gene:BGLB017487	-31	-19,1
bgl-miR-8-3p	BGLB017623-PA: FK506-binding protein 5-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005544	Scaffold868:7775:29932:1 gene:BGLB017623	-27	-17,9
bgl-miR-8-3p	BGLB017703-PA: protein still life- isoform SIF type 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005085 GO:0005089 GO:0005515 GO:0005622 GO:0007165 GO:0035023 GO:0035556	Scaffold290:57072:230734:1 gene:BGLB017703	-17	-23,6
bgl-miR-8-3p	BGLB017735-PA: store-operated calcium entry-associated regulatory factor-like [Bgl]	GO:0030176 GO:2001256	LG4 Scaffold2530:26613:30457:1 gene:BGLB017735	-15	-18,3
bgl-miR-8-3p	BGLB017742-PA: eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 4-like [Bgl]	GO:0005737	Scaffold117:345247:350799:1 gene:BGLB017742	-16	-19,5
bgl-miR-8-3p	BGLB017751-PA: dynein heavy chain 3- axonemal-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0007018 GO:0030286	Scaffold6:1131497:1174753:1 gene:BGLB017751	-29	-19,6
bgl-miR-8-3p	BGLB017816-PA: uncharacterized protein LOC106066173 [Bgl]	GO:0008152 GO:0016491 GO:0046872	Scaffold2224:48874:64172:1 gene:BGLB017816	-18	-21,1
bgl-miR-8-3p	BGLB017829-PA: glucose dehydrogenase [FAD- quinone]-like- partial [Bgl]	GO:0016614 GO:0050660 GO:0055114	Scaffold45:5473:20097:1 gene:BGLB017829	-16	-19,6
bgl-miR-8-3p	BGLB018188-PA: leucine-rich repeat serine/threonine-protein kinase 1-like [Bgl]	GO:0004672 GO:0005515 GO:0005524 GO:0006468	LG4 Scaffold761:115304:136829:1 gene:BGLB018188	-24	-17,5
bgl-miR-8-3p	BGLB018793-PA: zinc finger protein 708-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003676	LG20 Scaffold204:37804:41790:1 gene:BGLB018793	-16	-19,8
bgl-miR-8-3p	BGLB018909-PA: atrial natriuretic peptide receptor 1-like [Bgl]	GO:0000166 GO:0005622 GO:0009190 GO:0016021 GO:0016849 GO:0035556	LG4 Scaffold430:198792:202846:1 gene:BGLB018909	-18	-21,1
bgl-miR-8-3p	BGLB019058-PA: retinal dehydrogenase 1-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016491 GO:0016620 GO:0055114	Scaffold1879:10826:22199:1 gene:BGLB019058	-28	-19,5
bgl-miR-8-3p	BGLB020027-PA: caM kinase-like vesicle-associated protein isoform X2 [Bgl]	GO:0004672 GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468 GO:0006915	LG80i Scaffold289:93691:101834:1 gene:BGLB020027	-26	-19,9
bgl-miR-8-3p	BGLB021479-PA: cytosolic carboxypeptidase 1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004181 GO:0005488 GO:0006508 GO:0008270	Scaffold995:30026:60209:1 gene:BGLB021479	-25	-18,3

bgl-miR-8-3p	BGLB021530-PA: nuclear envelope phosphatase-regulatory subunit 1-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0035307 GO:0071595	Scaffold404:87466:103353: 1 gene:BGLB021530	-22	-15,6
bgl-miR-8-3p	BGLB021655-PA: sodium-coupled monocarboxylate transporter 1-like [Bgl]	GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold7887:9416:12013: 1 gene:BGLB021655	-17	-19,8
bgl-miR-8-3p	BGLB021816-PA: proprotein convertase subtilisin/kexin type 5-like [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold44895:46348:58351:1 gene:BGLB021816	-15	-20
bgl-miR-8-3p	BGLB022165-PA: transmembrane and coiled-coil domains protein 2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1002:43929:79477:1 gene:BGLB022165	-15	-20
bgl-miR-8-3p	BGLB022218-PA: low quality protein: mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1-like [Bgl]	GO:0001104 GO:0006357 GO:0016592	Scaffold414:317608:331362: 1 gene:BGLB022218	-16	-19
bgl-miR-8-3p	BGLB022335-PE: uncharacterized protein LOC106052487 [Bgl]	GO:0044888 GO:0005515 GO:0006915 GO:0006955 GO:0007165 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold855:9057:9737: 1 gene:BGLB022335	-17	-20,3
bgl-miR-8-3p	BGLB022893-PA: uncharacterized protein LOC106055140 [Bgl]	GO:0008017	LG26 Scaffold197:305958:323179: 1 gene:BGLB022893	-19	-22,7
bgl-miR-8-3p	BGLB023316-PA: calpain-2 catalytic subunit-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004198 GO:0005622 GO:0006508	LG78i Scaffold508:186159:197983: 1 gene:BGLB023316	-15	-21
bgl-miR-8-3p	BGLB023446-PA: transcription factor IIIA-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold100:230267:236128:1 gene:BGLB023446	-18	-20,3
bgl-miR-8-3p	BGLB023614-PA: methylosome protein 50-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1451:42602:70932: 1 gene:BGLB023614	-24	-17,8
bgl-miR-8-3p	BGLB023614-PC: methylosome protein 50-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1451:42602:64185: 1 gene:BGLB023614	-24	-17,8
bgl-miR-8-3p	BGLB023676-PA: uncharacterized protein LOC106069611 [Bgl]	GO:0008528 GO:0016021	Scaffold3085:42505:45714:1 gene:BGLB023676	-24	-18,4
bgl-miR-8-3p	BGLB023897-PA: uncharacterized protein LOC106072097 [Bgl]	GO:0005524	Scaffold3929:4844:14237: 1 gene:BGLB023897	-19	-22,9
bgl-miR-8-3p	BGLB024148-PA: low quality protein: rab GTPase-binding effector protein 1-like [Bgl]	GO:0005096 GO:0006897 GO:0046872	Scaffold1097:383:9687:1 gene:BGLB024148	-18	-20,4
bgl-miR-8-3p	BGLB024409-PA: homeobox protein engrailed-2a-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634	Scaffold6848:7599:13393: 1 gene:BGLB024409	-21	-15
bgl-miR-8-3p	BGLB024823-PA: uncharacterized protein LOC106065565 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2091:32643:47981:1 gene:BGLB024823	-19	-24,2
bgl-miR-8-3p	BGLB024888-PA: putative ankyrin repeat protein RF 0381 [Bgl]	GO:0005515 GO:0005622 GO:0035556	LG3 Scaffold611:43417:47858: 1 gene:BGLB024888	-17	-22
bgl-miR-8-3p	BGLB025098-PA: maestro heat-like repeat-containing protein family member 1 [Bgl]	GO:0005488	LG6 Scaffold132:22800:48297: 1 gene:BGLB025098	-22	-26,5
bgl-miR-8-3p	BGLB025304-PA: membrane magnesium transporter 1-like [Bgl]	GO:0016021	LG80i Scaffold35:763592:767543: 1 gene:BGLB025304	-31	-23,3
bgl-miR-8-3p	BGLB025818-PA: asparagine-rich protein-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0008270	Scaffold414:290781:295441:1 gene:BGLB025818	-19	-15,3
bgl-miR-8-3p	BGLB025829-PA: uncharacterized protein LOC106061601 [Bgl]	GO:0005576 GO:0006030 GO:0008061	Scaffold153:129946:134049:1 gene:BGLB025829	-22	-24,3
bgl-miR-8-3p	BGLB025918-PA: uncharacterized protein LOC106068862 [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	Scaffold288:112860:117982: 1 gene:BGLB025918	-20	-21
bgl-miR-8-3p	BGLB026020-PA: tyrosine-protein phosphatase 99A-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold11606:13958:17154: 1 gene:BGLB026020	-19	-22,5
bgl-miR-8-3p	BGLB026209-PA: probable carboxypeptidase PM20D1.2 [Bgl]	GO:0008152 GO:0016787	LG64i Scaffold547:20921:43443:1 gene:BGLB026209	-18	-22
bgl-miR-8-3p	BGLB026520-PA: WD repeat-containing protein 43-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold445:81953:102332: 1 gene:BGLB026520	-25	-19,6
bgl-miR-8-3p	BGLB026608-PA: solute carrier organic anion transporter family member 2A1-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005215 GO:0016020 GO:0016021 GO:0055085	LG8 Scaffold4422:143961:170779: 1 gene:BGLB026608	-17	-18,5
bgl-miR-8-3p	BGLB026820-PA: protein cornichon homolog 4-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0016192	LG8i Scaffold101:137669:142566: 1 gene:BGLB026820	-23	-17,3
bgl-miR-8-3p	BGLB027441-PA: uncharacterized protein LOC106070954 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold3524:21598:24616: 1 gene:BGLB027441	-18	-18,2
bgl-miR-8-3p	BGLB027843-PA: uncharacterized protein LOC106059634 isoform X2 [Bgl]	GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold1229:36133:39359:1 gene:BGLB027843	-15	-20,2
bgl-miR-8-3p	BGLB027843-PB: uncharacterized protein LOC106059634 isoform X1 [Bgl]	GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold1229:36887:39359:1 gene:BGLB027843	-15	-20,2
bgl-miR-8-3p	BGLB027843-PC: uncharacterized protein LOC106059634 isoform X1 [Bgl]	GO:0004674 GO:0005524 GO:0006468	Scaffold1229:36638:39359:1 gene:BGLB027843	-15	-20,2
bgl-miR-8-3p	BGLB028707-PA: actin cytoskeleton-regulatory complex protein PAN1-like [Bgl]	GO:0031110	Scaffold19:468276:472949:1 gene:BGLB028707	-44	-17,5
bgl-miR-8-3p	BGLB029444-PC: myoglobin-like isoform X2 [Bgl]	GO:0016021 GO:0019441 GO:0020037 GO:0046872	LG45i Scaffold44:509704:524427: 1 gene:BGLB029444	-20	-23,4
bgl-miR-8-3p	BGLB030097-PA: DNA polymerase subunit gamma-2- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0005739 GO:0006260 GO:0006281	LG2 Scaffold91:457988:466985: 1 gene:BGLB030097	-17	-20,6
bgl-miR-8-3p	BGLB030105-PA: repressor of RNA polymerase III transcription MAF1 homolog [Bgl]	GO:0016480	LG78i Scaffold63:255091:260161: 1 gene:BGLB030105	-28	-21,6
bgl-miR-8-3p	BGLB030143-PA: uncharacterized protein LOC106069171 [Bgl]	GO:0005509 GO:0006629 GO:0008152 GO:0016042 GO:0016787	Scaffold2947:6047:31974: 1 gene:BGLB030143	-16	-19,1
bgl-miR-8-3p	BGLB030157-PA: protein-S-isoprenylcysteine O-methyltransferase-like [Bgl]	GO:0004671 GO:0005783 GO:0005789 GO:0006481 GO:0016021	Scaffold19182:1887:3534: 1 gene:BGLB030157	-17	-19,9
bgl-miR-8-3p	BGLB030258-PA: calpain-A-like [Bgl]	GO:0004198 GO:0005622 GO:0006508	Scaffold1755:40073:49132: 1 gene:BGLB030258	-17	-20,9
bgl-miR-8-3p	BGLB030420-PA: AB hydrolase superfamily protein C1039.03-like [Bgl]	GO:0008152 GO:0016787	Scaffold4993:23359:28755: 1 gene:BGLB030420	-18	-22
bgl-miR-8-3p	BGLB030887-PA: transmembrane protein 72-like [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold442:533902:540855: 1 gene:BGLB030887	-29	-20,9
bgl-miR-8-3p	BGLB030951-PA: uncharacterized protein LOC106067860 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2638:33512:39437: 1 gene:BGLB030951	-24	-18
bgl-miR-8-3p	BGLB032774-PA: nuclear transcription factor Y subunit alpha-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0003700 GO:0006355 GO:0016602	Scaffold2020:8381:17226: 1 gene:BGLB032774	-16	-23,8
bgl-miR-8-3p	BGLB032860-PA: macrophage-expressed gene 1 protein-like [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold186:226781:243050: 1 gene:BGLB032860	-17	-19,7
bgl-miR-8-3p	BGLB032959-PA: uncharacterized protein LOC106079156 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold6243:15076:22861: 1 gene:BGLB032959	-53	-21,5
bgl-miR-8-3p	BGLB032964-PA: myeloid differentiation primary response protein MyD88-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	LG24 Scaffold592:196259:204641: 1 gene:BGLB032964	-15	-17,9
bgl-miR-8-3p	BGLB032964-PB: myeloid differentiation primary response protein MyD88-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	LG24 Scaffold592:196259:206316: 1 gene:BGLB032964	-15	-17,9
bgl-miR-8-3p	BGLB033288-PA: thyrotropin-releasing hormone receptor-like [Bgl]	GO:0004930 GO:0007186 GO:0016021	LG6 Scaffold428:248571:263166: 1 gene:BGLB033288	-15	-16,7
bgl-miR-8-3p	BGLB034112-PA: peroxisomal membrane protein 2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2784:11638:22897: 1 gene:BGLB034112	-18	-21,5
bgl-miR-8-3p	BGLB034873-PA: E3 ubiquitin-protein ligase RFW3-like [Bgl]	GO:0004842 GO:0005515 GO:0005634 GO:0016567 GO:0036297	LG20 Scaffold1427:54351:66262: 1 gene:BGLB034873	-23	-18
bgl-miR-8-3p	BGLB035172-PA: uncharacterized protein LOC106062717 [Bgl]	GO:0000077 GO:0005634 GO:0071479	Scaffold1653:3007:4579: 1 gene:BGLB035172	-16	-20,5
bgl-miR-8-3p	BGLB035308-PA: uncharacterized protein LOC106072666 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold4158:20048:22595: 1 gene:BGLB035308	-19	-20,9
bgl-miR-8-3p	BGLB035831-PA: uncharacterized protein LOC106075004 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5186:13957:15412:1 gene:BGLB035831	-23	-26,3
bgl-miR-8-3p	BGLB035831-PC: uncharacterized protein LOC106075004 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold5186:13993:15412:1 gene:BGLB035831	-23	-26,3
bgl-miR-8-3p	BGLB036225-PA: SPRY domain-containing protein 3-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1595:7564:20268: 1 gene:BGLB036225	-18	-21

bgl-miR-8-3p	BGLB036453-PA: uncharacterized protein LOC106061158 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165	Scaffold1454:61492:86927:1 gene:BGLB036453	-22	-26,9
bgl-miR-8-3p	BGLB036607-PA: ceramide synthase 5-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold513:170740:179812:1 gene:BGLB036607	-17	-20,6
bgl-miR-8-3p	BGLB036849-PA: DNA repair protein XRCC3-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005524 GO:0006281 GO:0008094	Scaffold445:174264:187659:1 gene:BGLB036849	-16	-19,5
bgl-miR-8-3p	BGLB036849-PB: DNA repair protein XRCC3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005524 GO:0006281 GO:0008094	Scaffold445:174264:186895:1 gene:BGLB036849	-16	-19,5
bgl-miR-8-3p	BGLB037033-PA: zinc finger protein 106-like isoform X3 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005515 GO:0005634	Scaffold3083:38977:54581:1 gene:BGLB037033	-16	-17,5
bgl-miR-8-3p	BGLB037033-PB: zinc finger protein 106-like isoform X2 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005515 GO:0005634	Scaffold3083:35147:54581:1 gene:BGLB037033	-16	-17,5
bgl-miR-8-3p	BGLB037225-PA: uncharacterized protein LOC106064369 [Bgl]	GO:0000774 GO:0051087	Scaffold19:428943:433830:1 gene:BGLB037225	-21	-19
bgl-miR-8-3p	BGLB037231-PB: uncharacterized protein LOC106078599 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	LG2 Scaffold91:258541:278497:1 gene:BGLB037231	-18	-19,5
bgl-miR-8-3p	BGLB037244-PA: denticleless protein homolog [Bgl]	GO:0005515	Scaffold1561:20008:30953:1 gene:BGLB037244	-15	-20,3
bgl-miR-8-3p	BGLB037503-PA: uncharacterized protein LOC106050892 [Bgl]	GO:0003676	Scaffold748:120974:123111:1 gene:BGLB037503	-17	-20,1
bgl-miR-8-3p	BGLB037637-PA: frataxin- mitochondrial-like- partial [Bgl]	GO:0004322 GO:0005739 GO:0008199 GO:0016226 GO:0055114	Scaffold7656:7833:10680:1 gene:BGLB037637	-16	-19,4
bgl-miR-8-3p	BGLB037850-PA: LDLR chaperone MESD-like- partial [Bgl]	GO:0006457	Scaffold3458:3862:9625:1 gene:BGLB037850	-35	-20,6
bgl-miR-8-3p	BGLB037856-PA: mucosa-associated lymphoid tissue lymphoma translocation protein 1-like [Bgl]	GO:0004197 GO:0006508	Scaffold3711:5716:33178:1 gene:BGLB037856	-18	-21,4
bgl-miR-8-3p	BGLB038296-PA: uncharacterized protein LOC106063326 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1744:84577:86911:1 gene:BGLB038296	-20	-20,9
bgl-miR-8-3p	BGLB038296-PB: uncharacterized protein LOC106063326 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1744:85501:86911:1 gene:BGLB038296	-20	-20,9
bgl-miR-8-3p	BGLB039038-PA: uncharacterized protein LOC106051464 [Bgl]	GO:0003677 GO:0005634 GO:0007275	Scaffold7850:6067:8192:1 gene:BGLB039038	-28	-17,2
bgl-miR-8-3p	BGLB039123-PA: venom serine carboxypeptidase-like [Bgl]	GO:0004185 GO:0006508	Scaffold182:380050:384872:1 gene:BGLB039123	-23	-19,3
bgl-miR-8-3p	BGLB039645-PA: carboxypeptidase N subunit 2-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0016021	Scaffold4738:25686:29179:1 gene:BGLB039645	-18	-20,3
bgl-miR-8-3p	BGLB039662-PA: centromere protein N-like [Bgl]	GO:0007059 GO:0051382	Scaffold1243:17379:27512:1 gene:BGLB039662	-23	-17
bgl-miR-8-3p	BGLB039778-PA: neural-cadherin-like [Bgl]	GO:0005509 GO:0005886 GO:0007155 GO:0007156 GO:0016020 GO:0016021	LG16i Scaffoldd213:359371:364741:1 gene:BGLB039778	-15	-16,7
bgl-miR-8-3p	BGLB039950-PA: dolichol kinase-like [Bgl]	GO:0004168 GO:0016021 GO:0043048	Scaffold1950:1159:4907:1 gene:BGLB039950	-15	-20,6
bgl-miR-8-3p	BGLB040007-PA: M-phase inducer phosphatase-like isoform X2 [Bgl]	GO:0004725 GO:0005622 GO:0006470 GO:1902751	Scaffold10143:4698:23525:1 gene:BGLB040007	-16	-18,2
bgl-miR-8-3p	BGLB040208-PA: fibrocystin-L-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold263:93532:152685:1 gene:BGLB040208	-15	-19,3
bgl-miR-92-3p	BGLB000079-PB: glutathione peroxidase 7-like [Bgl]	GO:0004602 GO:0006979 GO:0055114	LG4 Scaffoldd65:136786:138884:1 gene:BGLB000079	-20	-17,7
bgl-miR-92-3p	BGLB000115-PB: caspase-3-like [Bgl]	GO:0004197 GO:0006508 GO:0008234	Scaffold1378:33555:41649:1 gene:BGLB000115	-18	-16,4
bgl-miR-92-3p	BGLB000180-PB: voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-3-like [Bgl]	GO:0016021	LG4 Scaffoldd480:215963:238137:1 gene:BGLB000180	-17	-18,4
bgl-miR-92-3p	BGLB002377-PB: PDZ and LIM domain protein Zasp-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0046872	LG45i Scaffold535:66811:97800:1 gene:BGLB002377	-16	-22,9
bgl-miR-92-3p	BGLB003246-PB: N-terminal kinase-like protein isoform X2 [Bgl]	GO:0004672 GO:0005488 GO:0005524 GO:0006468	LG78i Scaffold144:33891:48377:1 gene:BGLB003246	-16	-20,3
bgl-miR-92-3p	BGLB003341-PB: HEAT repeat-containing protein 4-like [Bgl]	GO:0005488	LG78i Scaffoldd678:97016:109711:1 gene:BGLB003341	-25	-28,1
bgl-miR-92-3p	BGLB003345-PB: serine/arginine-rich splicing factor 2-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003723	LG78i Scaffoldd68:95958:98961:1 gene:BGLB003345	-17	-22,4
bgl-miR-92-3p	BGLB004076-PB: probable deoxycytidylate deaminase [Bgl]	GO:0003824 GO:0008270 GO:0016021 GO:0016787	Scaffold108:105923:112849:1 gene:BGLB004076	-15	-21,8
bgl-miR-92-3p	BGLB004584-PB: 1-25-dihydroxyvitamin D(3) 24-hydroxylase- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0004497 GO:0005506 GO:0016705 GO:0020037 GO:0055114	Scaffold121:551118:576187:1 gene:BGLB004584	-16	-22,6
bgl-miR-92-3p	BGLB005188-PB: GDH/6PGL endoplasmic bifunctional protein-like [Bgl]	GO:0004345 GO:0005975 GO:0006006 GO:0006098 GO:0017057 GO:0050661	Scaffold142:74593:78696:1 gene:BGLB005188	-19	-21,9
bgl-miR-92-3p	BGLB005290-PD: cystinosin-like isoform X3 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold146:58655:69946:1 gene:BGLB005290	-19	-16,1
bgl-miR-92-3p	BGLB005372-PB: DNA-(apurinic or apyrimidinic site) lyase-like [Bgl]	GO:0003677 GO:0004518 GO:0004519 GO:0005622 GO:0006281 GO:0046872	Scaffold1497:15031:39838:1 gene:BGLB005372	-15	-19,5
bgl-miR-92-3p	BGLB005388-PB: caseinolytic peptidase B protein homolog [Bgl]	GO:0005515 GO:0005524 GO:0016021	Scaffold15:609951:623237:1 gene:BGLB005388	-19	-24,3
bgl-miR-92-3p	BGLB005726-PB: fizzy-related protein homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0010997 GO:0097027 GO:1904668	Scaffold15887:5765:12828:1 gene:BGLB005726	-23	-26,3
bgl-miR-92-3p	BGLB005726-PC: fizzy-related protein homolog isoform X1 [Bgl]	GO:0005515 GO:0010997 GO:0097027 GO:1904668	Scaffold15887:7224:12828:1 gene:BGLB005726	-23	-26,3
bgl-miR-92-3p	BGLB006180-PB: cell division control protein 6 homolog- partial [Bgl]	GO:0006270 GO:0051301	Scaffold17344:242:4844:1 gene:BGLB006180	-16	-20,3
bgl-miR-92-3p	BGLB006600-PB: glycine dehydrogenase (decarboxylating)- mitochondrial-like [Bgl]	GO:0003824 GO:0004375 GO:0005739 GO:0006544 GO:0006546 GO:0055114	Scaffold19:674769:690296:1 gene:BGLB006600	-18	-16,6
bgl-miR-92-3p	BGLB007431-PB: ras-related protein Rab-5C-like [Bgl]	GO:0003924 GO:0005525	Scaffold230:38582:44371:1 gene:BGLB007431	-17	-23,1
bgl-miR-92-3p	BGLB007615-PB: uncharacterized protein LOC106067018 [Bgl]	GO:0003676 GO:0003677 GO:0005634	Scaffoldd242:283514:305992:1 gene:BGLB007615	-22	-27,1
bgl-miR-92-3p	BGLB007985-PB: biotin--protein ligase-like [Bgl]	GO:0004077 GO:0006464	Scaffold269:26387:38153:1 gene:BGLB007985	-17	-24,1
bgl-miR-92-3p	BGLB008024-PB: sterol-4-alpha-carboxylate 3-dehydrogenase- decarboxylating-like [Bgl]	GO:0003854 GO:0006694 GO:0016021 GO:0016616 GO:0055114	Scaffoldd271:168506:173950:1 gene:BGLB008024	-15	-26,7
bgl-miR-92-3p	BGLB008373-PB: amino acid transporter ANTL1-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffoldd294:96065:105089:1 gene:BGLB008373	-17	-20,1
bgl-miR-92-3p	BGLB009453-PB: 14-3-3 protein zeta-like [Bgl]	GO:0019904	Scaffoldd577:40821:44266:1 gene:BGLB009453	-17	-20
bgl-miR-92-3p	BGLB009546-PB: solute carrier family 2- facilitated glucose transporter member 1-like [Bgl]	GO:0005215 GO:0016020 GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold384:94508:111918:1 gene:BGLB009546	-21	-22,6
bgl-miR-92-3p	BGLB009576-PB: beta-1-3-galactosyl-O-glycosyl-glycoprotein beta-1-6-N-acetylglucosaminyltransferase-like [Bgl]	GO:0008375 GO:0016020	Scaffold3864:7908:27426:1 gene:BGLB009576	-24	-21,4
bgl-miR-92-3p	BGLB009694-PB: sorting nexin-21-like [Bgl]	GO:0005515 GO:0035091	Scaffold3942:10316:13597:1 gene:BGLB009694	-16	-19,7
bgl-miR-92-3p	BGLB009891-PC: protein DDII homolog 2-like isoform X1 [Bgl]	GO:0004190 GO:0005515 GO:0006508	Scaffoldd4152:8674:26010:1 gene:BGLB009891	-16	-22,8
bgl-miR-92-3p	BGLB009984-PB: WD repeat-containing protein 37-like [Bgl]	GO:0005515	Scaffoldd423:201780:210963:1 gene:BGLB009984	-21	-25,2
bgl-miR-92-3p	BGLB010092-PB: kinesin heavy chain-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003777 GO:0005524 GO:0005874 GO:0007018 GO:0008017	Scaffoldd434:97130:113579:1 gene:BGLB010092	-28	-21,5
bgl-miR-92-3p	BGLB010987-PB: zinc finger protein 664-like [Bgl]	GO:0003676	Scaffold5197:22340:25905:1 gene:BGLB010987	-16	-22,6

bgl-miR-92-3p	BGLB011379-PB: toll-like receptor 13 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165 GO:0016021	Scaffold55:148569:162246:1 gene:BGLB011379	-23	-21,8
bgl-miR-92-3p	BGLB012196-PB: TSC22 domain family protein 2-like [Bgl]	GO:0003700 GO:0006355	Scaffold624:9437:81153:1 gene:BGLB012196	-19	-28,5
bgl-miR-92-3p	BGLB012745-PB: kelch-like protein 20 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold705:67932:76989:1 gene:BGLB012745	-22	-26,7
bgl-miR-92-3p	BGLB016016-PA: protein kish-B-like [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold935:109049:113218:1 gene:BGLB016016	-17	-22,4
bgl-miR-92-3p	BGLB016439-PA: low quality protein: V-type proton ATPase 116 kDa subunit a isoform 1-like [Bgl]	GO:0000220 GO:0015078 GO:0015991 GO:0016021 GO:0033179	LG2 Scaffold1037:49154:63581:1 gene:BGLB016439	-17	-21
bgl-miR-92-3p	BGLB016814-PA: glutamate receptor ionotropic- kainate 2-like [Bgl]	GO:0004970 GO:0005216 GO:0005234 GO:0006811 GO:0016020 GO:0016021 GO:0030054 GO:0038023 GO:0045211	Scaffold543:6218:31383:1 gene:BGLB016814	-21	-28,1
bgl-miR-92-3p	BGLB016857-PA: toll-like receptor 7 [Bgl]	GO:0005515 GO:0007165 GO:0016021	Scaffold4207:3359:5239:1 gene:BGLB016857	-22	-25,9
bgl-miR-92-3p	BGLB017065-PA: uncharacterized protein LOC106054176 [Bgl]	GO:0005515	LG17 Scaffold1568:24818:41594:1 gene:BGLB017065	-17	-23,4
bgl-miR-92-3p	BGLB017072-PA: atrial natriuretic peptide receptor 1-like [Bgl]	GO:0004383 GO:0004672 GO:0005524 GO:0005622 GO:0006468 GO:0009190 GO:0016021 GO:0016849 GO:0035556	Scaffold142:3478:39921:1 gene:BGLB017072	-19	-26,7
bgl-miR-92-3p	BGLB018503-PA: guanine nucleotide exchange factor DBS-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005085 GO:0005089 GO:0005515 GO:0005622 GO:0035023 GO:0035556	Scaffold595:73740:164193:1 gene:BGLB018503	-24	-18,9
bgl-miR-92-3p	BGLB018503-PC: guanine nucleotide exchange factor DBS-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005085 GO:0005089 GO:0005515 GO:0005622 GO:0035023 GO:0035556	Scaffold595:73740:185205:1 gene:BGLB018503	-24	-18,9
bgl-miR-92-3p	BGLB018503-PD: guanine nucleotide exchange factor DBS-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005085 GO:0005089 GO:0005515 GO:0005622 GO:0035023 GO:0035556	Scaffold595:73740:186839:1 gene:BGLB018503	-24	-18,9
bgl-miR-92-3p	BGLB018798-PA: organic cation transporter protein-like [Bgl]	GO:0016021 GO:0022857 GO:0055085	Scaffold1:1384304:1393719:1 gene:BGLB018798	-15	-18,1
bgl-miR-92-3p	BGLB019077-PA: calcium-activated chloride channel regulator 2-like [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2384:23455:34587:1 gene:BGLB019077	-16	-20,7
bgl-miR-92-3p	BGLB020154-PA: atrial natriuretic peptide receptor 3-like [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold668:150307:158144:1 gene:BGLB020154	-18	-22,9
bgl-miR-92-3p	BGLB020173-PA: eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 3-like isoform X1 [Bgl]	GO:0003723 GO:0003729 GO:0003743 GO:0005488 GO:0005515	Scaffold584:44697:85147:1 gene:BGLB020173	-19	-23,3
bgl-miR-92-3p	BGLB020173-PC: eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 3-like isoform X7 [Bgl]	GO:0003723 GO:0003729 GO:0003743 GO:0005488 GO:0005515	Scaffold584:44697:72124:1 gene:BGLB020173	-19	-23,3
bgl-miR-92-3p	BGLB020173-PF: eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 3-like isoform X6 [Bgl]	GO:0003723 GO:0003729 GO:0003743 GO:0005488 GO:0005515	Scaffold584:44697:71261:1 gene:BGLB020173	-19	-23,3
bgl-miR-92-3p	BGLB020173-PG: eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 3-like isoform X5 [Bgl]	GO:0003723 GO:0003729 GO:0003743 GO:0005488 GO:0005515	Scaffold584:44697:72380:1 gene:BGLB020173	-19	-23,3
bgl-miR-92-3p	BGLB020715-PC: regulator of G-protein signaling 7-like isoform X3 [Bgl]	GO:0005622 GO:0007186 GO:0008277 GO:0035556	Scaffold298:122276:142629:1 gene:BGLB020715	-28	-24,9
bgl-miR-92-3p	BGLB020715-PD: regulator of G-protein signaling 7-like isoform X2 [Bgl]	GO:0005622 GO:0007186 GO:0008277 GO:0035556	Scaffold298:122119:142629:1 gene:BGLB020715	-28	-25
bgl-miR-92-3p	BGLB020872-PA: uncharacterized protein LOC106061527 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1507:26961:44856:1 gene:BGLB020872	-16	-19,8
bgl-miR-92-3p	BGLB021330-PA: uncharacterized protein LOC106064341 isoform X2 [Bgl]	GO:0005375 GO:0016021 GO:0035434	Scaffold19:762880:765898:1 gene:BGLB021330	-23	-24,1
bgl-miR-92-3p	BGLB021330-PB: probable low affinity copper uptake protein 2 isoform X1 [Bgl]	GO:0005375 GO:0016021 GO:0035434	Scaffold19:762914:765898:1 gene:BGLB021330	-23	-24,1
bgl-miR-92-3p	BGLB021330-PJ: uncharacterized protein LOC106064341 isoform X2 [Bgl]	GO:0005375 GO:0016021 GO:0035434	Scaffold19:761451:765898:1 gene:BGLB021330	-23	-24,1
bgl-miR-92-3p	BGLB022597-PA: uncharacterized protein LOC106071315 [Bgl]	GO:0031005 GO:0061181 GO:0061572	Scaffold436:188563:189379:1 gene:BGLB022597	-25	-28,3
bgl-miR-92-3p	BGLB022927-PA: syntaxin-16-like [Bgl]	GO:0005484 GO:0005622 GO:0006886 GO:0016020 GO:0016021 GO:0016192	Scaffold629:42039:52213:1 gene:BGLB022927	-20	-25,7
bgl-miR-92-3p	BGLB023157-PA: uncharacterized protein LOC106073233 [Bgl]	GO:0005794 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	Scaffold441:13546:15570:1 gene:BGLB023157	-23	-26,4
bgl-miR-92-3p	BGLB025268-PA: beta-1-3-galactosyltransferase 5-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	LG17 Scaffold369:2796:6996:1 gene:BGLB025268	-17	-21,6
bgl-miR-92-3p	BGLB025268-PB: beta-1-3-galactosyltransferase 5-like isoform X1 [Bgl]	GO:0000139 GO:0006486 GO:0008378 GO:0016020 GO:0016021	LG17 Scaffold369:2877:6996:1 gene:BGLB025268	-17	-21,6
bgl-miR-92-3p	BGLB025896-PA: uncharacterized protein LOC106065175 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold202:143437:149763:1 gene:BGLB025896	-16	-24,4
bgl-miR-92-3p	BGLB026394-PA: uncharacterized protein LOC106069302 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2988:34013:45707:1 gene:BGLB026394	-16	-22,3
bgl-miR-92-3p	BGLB026394-PB: uncharacterized protein LOC106069302 isoform X3 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2988:34142:45707:1 gene:BGLB026394	-16	-22,3
bgl-miR-92-3p	BGLB026394-PC: uncharacterized protein LOC106069302 isoform X1 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2988:32676:45707:1 gene:BGLB026394	-16	-22,3
bgl-miR-92-3p	BGLB026577-PA: importin-4-like- partial [Bgl]	GO:0005488 GO:0005515 GO:0005622 GO:0006886 GO:0008536	Scaffold9770:78:21863:1 gene:BGLB026577	-25	-19
bgl-miR-92-3p	BGLB028023-PA: tigger transposable element-derived protein 4-like [Bgl]	GO:0003676 GO:0003677	Scaffold11761:13348:16768:1 gene:BGLB028023	-26	-21,7
bgl-miR-92-3p	BGLB029088-PA: uncharacterized protein LOC106053884 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold986:35439:36083:1 gene:BGLB029088	-124	-20,3
bgl-miR-92-3p	BGLB029108-PA: uncharacterized protein LOC106053833 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold981:3236:13009:1 gene:BGLB029108	-16	-22,4
bgl-miR-92-3p	BGLB029560-PA: thioredoxin domain-containing protein-like [Bgl]	GO:0005623 GO:0016021 GO:0045454	Scaffold1426:99537:107491:1 gene:BGLB029560	-16	-18,4
bgl-miR-92-3p	BGLB029609-PA: uncharacterized protein LOC106064716 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1952:40484:49230:1 gene:BGLB029609	-15	-20
bgl-miR-92-3p	BGLB030014-PA: transmembrane protein 127-like [Bgl]	GO:0008285 GO:0016021 GO:0032007	Scaffold1993:60266:66329:1 gene:BGLB030014	-15	-18,4
bgl-miR-92-3p	BGLB030781-PA: 3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase-like [Bgl]	GO:0003857 GO:0006631 GO:0016491 GO:0055114	Scaffold298:33211:41822:1 gene:BGLB030781	-15	-23,9
bgl-miR-92-3p	BGLB030868-PA: uncharacterized protein LOC106075997 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold54:500653:505651:1 gene:BGLB030868	-24	-27,7
bgl-miR-92-3p	BGLB031211-PA: galactoside 2-alpha-L-fucosyltransferase 1-like [Bgl]	GO:0005975 GO:0006486 GO:0008107 GO:0016020 GO:0032580	Scaffold7444:5178:13691:1 gene:BGLB031211	-19	-27,1
bgl-miR-92-3p	BGLB031330-PA: uncharacterized protein LOC106057685 [Bgl]	GO:0016021 GO:0055085	Scaffold100:57873:58305:1 gene:BGLB031330	-17	-23,7
bgl-miR-92-3p	BGLB032856-PA: kelch-like protein 24 [Bgl]	GO:0005515	Scaffold287:219657:221360:1 gene:BGLB032856	-15	-24,2
bgl-miR-92-3p	BGLB033135-PA: contactin-associated protein-like 2- partial [Bgl]	GO:0016021	Scaffold2:637:44833:1 gene:BGLB033135	-22	-23,9
bgl-miR-92-3p	BGLB033143-PB: uncharacterized protein LOC106054152 isoform X2 [Bgl]	GO:0016021	LG17 Scaffold378:151015:168017:1 gene:BGLB033143	-18	-23,8
bgl-miR-92-3p	BGLB033985-PA: RRP15-like protein [Bgl]	GO:0006364	LG8i Scaffold101:155006:158700:1 gene:BGLB033985	-17	-20,4
bgl-miR-92-3p	BGLB035400-PA: bridging integrator 3-like- partial [Bgl]	GO:0005515 GO:0005737	Scaffold84:870:4624:1 gene:BGLB035400	-17	-19,4
bgl-miR-92-3p	BGLB035938-PA: uncharacterized protein LOC106062674 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold1649:31549:46733:1 gene:BGLB035938	-16	-20,9
bgl-miR-92-3p	BGLB036364-PA: uncharacterized protein LOC106059987 [Bgl]	GO:0016021	Scaffold12918:5363:6790:1 gene:BGLB036364	-22	-22,6
bgl-miR-92-3p	BGLB036556-PA: AP-4 complex subunit beta-1-like [Bgl]	GO:0005488 GO:0006886 GO:0016192 GO:0030117	LG51i Scaffold12:1050875:1056248:1 gene:BGLB036556	-19	-25,6
bgl-miR-92-3p	BGLB036810-PA: solute carrier family 28 member 3-like [Bgl]	GO:0005337 GO:0016020 GO:0016021 GO:1901642	Scaffold614:165271:187709:1 gene:BGLB036810	-21	-17,4
bgl-miR-92-3p	BGLB037141-PA: GTPase IMAP family member 7-like [Bgl]	GO:0005525 GO:0016021	Scaffold1641:13945:15030:1 gene:BGLB037141	-53	-16,3

bgl-miR-92-3p	BGLB038777-PA: uncharacterized protein LOC106079782 [Bgl]	GO:0003676 GO:0008270	Scaffold6625:3475:3948:1 gene:BGLB038777	-22	-26,5
bgl-miR-92-3p	BGLB039075-PA: lysosomal protective protein-like [Bgl]	GO:0004185 GO:0006508	LG29 Scaffold3293:51934:58025:1 gene:BGLB039075	-24	-27,3
bgl-miR-92-3p	BGLB039585-PA: uncharacterized protein LOC106055178 [Bgl]	GO:0016021	LG26 Scaffold138:215555:228930:1 gene:BGLB039585	-15	-21,2
bgl-miR-92-3p	BGLB039648-PA: EF-hand calcium-binding domain-containing protein 11-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold69:209910:217627:1 gene:BGLB039648	-30	-20,3
bgl-miR-92-3p	BGLB039648-PB: EF-hand calcium-binding domain-containing protein 11-like isoform X1 [Bgl]	GO:0005509	Scaffold69:212013:217627:1 gene:BGLB039648	-30	-20,3
bgl-miR-92-3p	BGLB040261-PA: collagen alpha-1(IV) chain-like [Bgl]	GO:0005201 GO:0005581 GO:0005604	LG80i Scaffold35:339348:404963:1 gene:BGLB040261	-21	-26,6