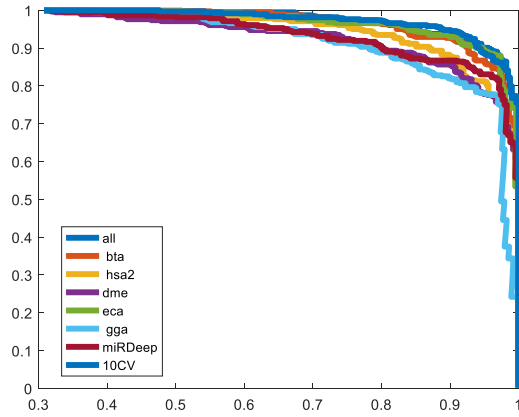
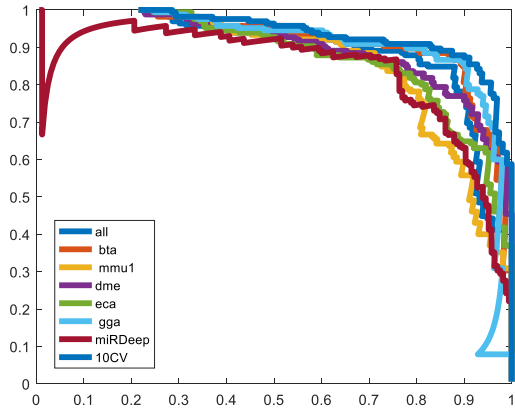


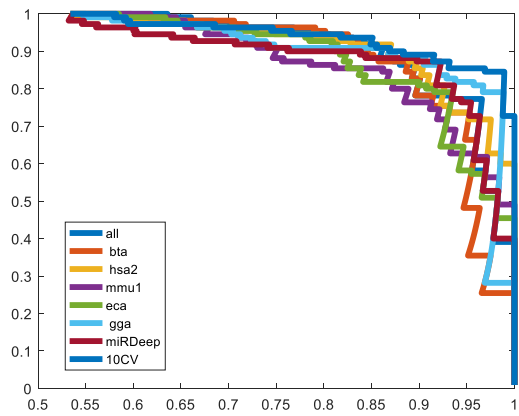
*mmu1*



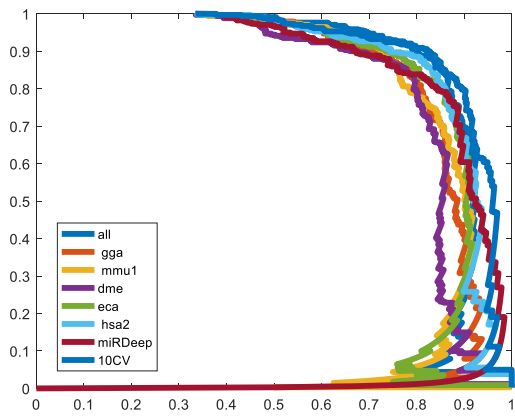
*hsa2*



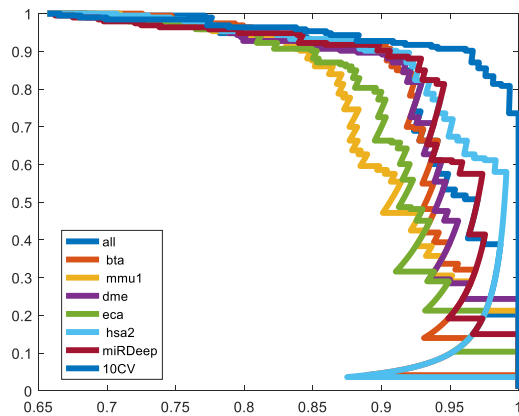
*dme*



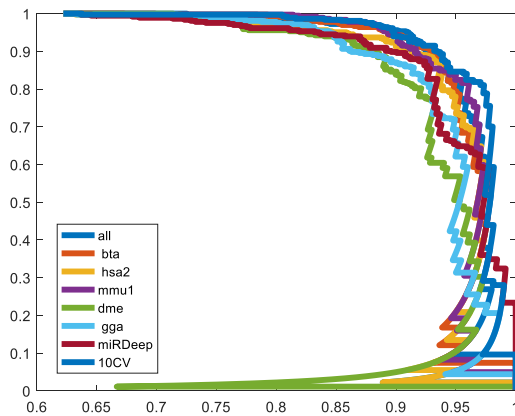
*bta*



*gga*



*eca:*



**Supplemental fig 1. Generalization performance of the miPIE classification pipeline over six test species.** MiRDeep method is shown for comparison. 10CV indicates 10-fold cross-validation over test dataset indicated in figure title. All other series represent performance on the hold-out test species where training set is from species indicated in legend; *all* indicates the combination of all datasets other than the test dataset.

Supplemental Table 1. Details of the expression- and sequence-based features selected by the correlation feature selection method for use in the miPIE prediction method.

<b>Feature</b>	<b>Description</b>
MFE3	Ratio of normalized minimum free energy value and the number of loops in the pre-miRNA secondary structure.
dH	Enthalpy of the pre-miRNA secondary structure
Tm	Melting energy of the pre-miRNA secondary structure, and melting energy normalized by the loop length of the structure
Tm/loop	
SC x zG	SC is a measurement of change in normalized structural stability when a pre-miRNA sequence is extended or reduced by equal amounts on the 5' and 3' arms. zG is the z-score of the normalized minimum free energy of the pre-miRNA secondary structure. dP is the number of paired bases normalized to the sequence length.
SC/(1 - dP)	
Probpair2	Sum of pairing probabilities of short nucleotide motifs
Probpair3	
Probpair7	
Probpair9	
Probpair19	
Probpair94	
C(( T.(( T.((	Triplet motifs, representing a nucleotide identity and pairing of the 5' neighbor, the nucleotide itself, and the 3' neighbor of the nucleotide
CG	Percentage of nucleotide dimers which contain the given nucleotide motif
GA	
% pb mature	Percentage of paired bases in mature miRNA sequence
% reads mature	Percentage of reads within pre-miRNA sequence which align to mature and miRNA* regions
% reads miRNA*	

**Supplemental Table 2. All novel miPIE predictions above 0.9 threshold (71):**  
*Highlighting indicates sites predicted only by miPIE and not by miRDeep*

Chromosomal location	miPIE score	Sequence	Secondary structure
chrUn_NT_4762 29v1_39857	1	GACCGGGGGGGCGCGCCCGCUUCAAGUAAUCCAG GAUAGGCUGUGCCCCCGGCCUGUCCCGUUA CUUGGGGUGGGACGCGCCAGGCGGCCAUGUGUG GGGGCGGG	..(((..(((((((.....)))))))))).. )))))))))).....(((.....))..
chrUn_NT_4703 75v1_39465	1	CCCGGGGGGGCGCGCCCGCUUCAAGUAAUCCAG GAUAGGCUGUGCCCCCGGCCUGUCCCGUUA UUGGGGUGGGACGCGCCAGGCGGCCAUGUGUG GGGGCGGG	(((((..(((.....)))))))).. )))))))))).....(((.....))..
chr7_34267	1	CCGAAGAGGCUGGGCGUGGUUCAAGUAAUCCAG GAUAGGCUGUGGUCUGGCAGUCAGCCUGUUCUAG GUUACUUGGCUCGGAGCCCGCCGACGCUUCGCC CUGGAGAUG	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr2_17954	0.998	UACAGAAGGCUGUACCCUGGUUCAAGUAAUCCAG GAUAGGCUGUAUCCAUUCCUGCGCCUAUUCU GGUACUUGCACUGGGAGGCAGCCGACUGGUCG AAAUGAGG	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr6_33562	0.998	AUUUGGCUCGUUUGUCCUUUUCUAUGCAUAUA CUUCUUUGAGAGUUUGAUCUAAAGAGGCAUAGAG CAUGGGAAAUGGGGCGACUGAGGUACUCCGCCA UUCAUUC	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr13_11956	0.996	AGCAGCUGGGGGCUCUCCAUUGUCUCCAGCCAA GGUGCAGUGCUGAUCUCUGGUCAAUUGGGAGUC UGAGAUAAAGCACUGUAGCUCGGGAAGGGAGGAA CUGUGCCC	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr2_21250	0.996	CCGCGCCCGAGGAGGAUCCGGUCUCCUGAAGCAA AGUUCUGUGACACUCAGACUCUGGUUACGAUAGC AGUCAGUGCACUACAGAACUUUGUCUCCGGGGG UGCGGCGGG	(((((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr19_14476	0.996	GGCUGUACCAUCCUGUCGGAUAGCUUAUCAGACU GAUGUUGACUGUUGGAUCUCAUGGCAACAACAGU CGUAGGCUGUCUGACAUUUUGGUAUCUCUCAUC UGACCGUU	(((((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr1_2078	0.996	CUGUGCUGCCAAUUGGCAUAAACCCGUAAGUCCG AUCUUGUGUUGAAUAGCACUGCACAAGCUCGCUU CUAUGGGUCUGUGUCAGUAUGGUGAUCUGGAAA AGUUUA	CUGUGCUGCCAAUUGGCAUAAACCCGUAAG AUCCGAUCUUGUGUUGAAUAGCACUGCAC AAGCUCGCUUCUAUGGGUCUGUGUCAGUA UGGUAUCUGGCAAAAGUUUA
chrUn_NT_4673 19v1_39026	0.994	CCCAACCCUACUAGUGUAUUUUGUGUCCCGCCC CACUAUAUAAAACAGACCCCGUCCCGCCCGGGG UGAGGUAGUAGAUUGUAUAGUUGGGGUCACAC GCCCGGCU	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chrUn_NT_4673 19v1_39025	0.994	ACCCGUGCCCCCGGGGUGAGGUAGUAGAUU GUAUAGUUGGGGUCACACGCGCCGUCGGAGA UAACUAUACAGUCUACUGUCUCCCGUGGGGGG UGUAUGGCAU	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr12_11207	0.992	UACAUGCUCUCUGUCAGAGUGAGGUAGUAGAUU GUUAGUUGUAGGGUAGUUUUUACCCUGUUA GGAGAUAAUAUACAUCUAUUGCCUCCCGAG GAGUAAAACA	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr12_11208	0.992	UAAUACUCGAGAAUGAGACUGUGGUAGCUACU CAGCAAAGAGCUUAGUACAUGCUUCUCUGUCAG AGUGAGGUAGUAGAUUGUAUAGUUGAGGGUAG UUAUUUUACCC	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr24_26206	0.99	UUGACUGCAUGCAUCCAGGUAGGUAGUAGGUU GUUAGUUUAGAAUACACCAAGGGAGUAACUG UACAACCUCCUAGCUUCCUUGGGUCUUGCACA AGCGGCGUG	..(((..(((.....)))))))).. )))))))))).....
chr12_11210	0.99	GAUGCCUGCACUGUGGGAUGAGGUAGUAGGUU AUAGUUUAGGGUCAUACCCGCAACUGGGAGUA ACUAUACAUCUACUGUCUUCUAAAGCAGCAG AAAUAAC	(((((..(((.....)))))))).. )))))))))).....

chr26_26871	0.99	UGUACUGCUCUGUGGAGGUGAGGUAGUAGGUUGU AUAGUUUGGUGGGAGGGAUUCUGCCAUUUCAG GUGAUAAACUACAGUCUUAUUGCCUCCUAAAG AGCAGCAAUA	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( (((((((.....)))))))).)))))))).)))))))). ....
chr26_26872	0.988	GUGCAAGAAAUCCUGCUCUCCACAAAGCCAGGG AAUCACACCAGACCUCUGUACUGCUCUGGAGG UGAGGUAGUAGGUUGUAUAGUUUGGUGGGAGGG AUUCUGUCCCA	(..(((.....(((((((.....((((((((((((((((((( ).)))))).)))))).)))))))).)))))))).)..
chr1_1805	0.988	AGUCUGACUGUCCUUUGGGGUGAGGUAGUAGGUU GUAUAGUUUAGGGUUAUGCCUGCCUGUCAGAU AACUAUACAACUCACUGUCUUUCCUGAAGUGGCU GUGAUAUCA	..(((.....(((((((.....((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr1_NT_456233 v1_random_1629 0	0.988	GUCUGACUGUCCUUUGGGGUGAGGUAGUAGGUUG UAUAGUUUAGGGUUAUGCCUGCCUGUCAGAU ACUAUACAACUCACUGUCUUUCCUGAAGUGGCU UGAUAUCAU	((.....(((((((.....((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr24_26204	0.988	GACCAUGCCUGUUGCCACAAACCCGUAAGUCCG AACUUGUGGUCUAUUCACACAAGCUUGUAUCU AUAGGUAGUGUCUGUCUGGCAAGUGCACAAAGU GUUGUG	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( ..)))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr23_26080	0.988	UUCGGGGCAGUCAUCGCUGCUGUAAACAUCUUG ACUGGAAGCUGUGAGGUGUCAGCGGGGGCUUCA GUCGGAUGUUACAGCUCGAGGUCGUCGAGUCA CCUGGGUG	..(((.....(((((((.....((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr4_32121	0.988	AUCUUGGCAGUUCACAGCUCUGAGAACUGAAUUC CAUGGACUGGUUCAAUCCAUGCGUUCAGUCCA UGGUAAUCAGUUCUCUAGCUUGGCUGCAUCAAAC UUCACAACUG	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr23_26082	0.988	CCCUACCAUGCUGUAGCAGCUGUAAACAUCUUC ACUCUCAGCUGUGAACUCGAGGUGGGUGGAGAG GAUUGUUUACGCCUUCUGCCAUGGAGUGAACAU UGGUGAGCU	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( ).)))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr3_29472	0.984	GAGCUCUGAGUGACAGGUACUGUAAACAUCUUC ACUCUCAGCUGUGGAAACUAAGAAAGCUGGGAGA AGGCUGUUUACUCUCCUGCCUUGGAAUACUCU GGAGGGC	((.....(((((((.....((((((((((((((((((( ).)))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr1_7856	0.984	UAAAUGUGGAAAACUUGUACCCCUUUCUACACAG GUUGGGAUCAGUUGCAAUGCUGUGCGUUUCUGUG GUAUUGCACUUGUCCCGCCUGUUGAGGUUGGUG GGGAUAGAG	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr4_31646	0.984	CCGAAGAUGCCUUGCGCUGGUUCCUCCUGGGUG GGGAUUUGUUGCAUACUUGUAGCUGUGUGUAGA GUAUUGCACUUGUCCCGCCUGUGGAGGAAAGGA GGACUGGUC	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr12_11115	0.984	CCUCUUGCCUGAUUCCAGGCUGAGGUAGUAGUU GUACAGUUUGAGGUCUAGAUACCACCCGUAAC AGGAGAUAAUCUGUACAGGCCACUGCCUUGCCUGG GACAGAGCUC	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( ).)))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr4_31648	0.982	AAGAUGCCUUCGGAGAGGUGCUCACAGUCA GUUUUGCAGGUUGCAUCCAGCUGUAGAUACUCU GCUGUGCAAUCCAUGCAAAACUGACUGGGUGG UGGUGAAUAGC	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr1_7858	0.98	UUUGUUGUAAAUGAACACUGUUCUCUGGUUAG UUUUGCAGGUUGCAUCCAGCUGUAGAUACUCU GCUGUGCAAUCCAUGCAAAACUGACUGGGCAG UGACAAGUCAG	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr1_2082	0.978	UCAUAUCAGACUUUCCUAGUCCUGAGACCCUA ACUUGUGAGGUUUUGUAGCAACAACACAAGUCA GGCUCUUGGGACCUAGGCGGAGGGGAACACAGCAG CUUUGGAC	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( ).)))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr24_26208	0.976	GCUCGUUGCGCCCUUCUCAAUCCUGAGACCCUAA CUUGUGAUGUUAGCUUUAAAUCACGGGUUAG GCUCUUGGGAGCUGUGAGUUGUCUUUGACAUCU UUUUUUU	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).
chr2_23595	0.974	GAUGUAUAGUAGUCUGUUGCUGUAAACAUCCCCG ACUGGAAGCUGUAGCAGCUUGAGCUUUCAGUCAG	.....(((((((.....((((((((((((((((((((((( )))))))).)))))))).)))))))).)))))))).

		AUGUUUGCUGCACCUGGCUAUACCUGGACAGCAU CAGGAGGAAAAG	
chrZ_43419	0.972	GCCGGCGCAGAACGAGCCUGGGCUUGGAGCAGUG CUGAGAGGGCUUGGGGAGAGGAUUGUAGUGGAGC UCCAUCCCCAUUCCACUCCUAGCAGCUCUCUGGCC AUCCACC	...(((.....(((.....))))))(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr13_11953	0.972	GCGGUCGCCGUGCUCUCAGGGUCCAGUUUCCCA GGAAUCCCUUAGGCGCUACGUUGGGGAUUCUGG AAAUACUGUUCUUGGGGCCACGGCUCUGCACCUG GAGACAGCCCG	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr8_34624	0.97	GAGGGGCCACGAUGACUGACAGGCUGCCUGGCU CAGUUUACACAGUGCUGAUGCUGUCUCUUGUAAA GGUACAGUACUGUAUACUGAAGGAUGGCAGCC AUCUGAGC	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chrZ_40851	0.97	GGCAUCAAAACAAUAGACUAUGAACUAUCCUUU UCGGUUAUCAUGGUACCGGUGCUGUAUACGUGAA AGGUACAGUACUGUGUAUACUGAAGAAUGGUGGU GCCAUCACA	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr1_7862	0.968	GUUCCAGUAGCUUUCUGCUUUGCAGUCUUCUGUU AGUUUUGCAUAGUUGCACUACAGGAAGAAUGUAG UUGUGCAAUAUCUAGCAAACUGAUGGUGGCCUG UUAUAAUCUA	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr27_27144	0.968	AUGCAUCUGUCUUCUAUUGUACCCUGUAGAUC GAAUUUGUGUAAAAGGAAGUUGGGUCACAAAUCG UAUCUAGGGAAUUGUAGUUGACACAAACACUA CAGGUCACAA	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr8_34310	0.964	CGGAGAUCCUGCUCGCGCCAGUGUUCAGAC UACCUGUUCAGGACAAUGCUGUUGUACAGUAGUC UGCACAUUGGUUAGACUGGGCAAGGGAAAGCAGC GACAUGGACU	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr17_13325	0.964	GGCAGGGAGGGGAAGGACUAAUGAGCUGCUGAU GCCGGAGAGCAGACCACAGAGGCUCACUCCGUC UGCCAGUGUUCAGACUACCUGUUCAGGACUACG AGAUUGUACA	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr17_13326	0.962	CAGAGGCUCACUCCGUCUGCCAGUGUUCAGAC UACCUGUUCAGGACUACGAGAUUGUACAGUAGUC UGCACAUUGGUUAGGCUUGCUGGGAUACACCAC ACACUGCCAG	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr3_29470	0.96	UGCUGUUGACAGUGAGCGACUGUAAACAUCUCG ACUGGAAGCUGUAGAGCAGCAGAUUGGGGCUUCA GUCGGAUGUUGCAGCUGCCAACUGCCACAGACG UCAAGAAA	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr19_14784	0.96	CCUCUGCCCGCUCUGGCGCCGCGCAGCAGUUCU UCAGUGGCAAGCUUUAUGUCCUUCUCUAGUAGCU AAAGCUGCCAGUUGAAGAACUGUUGAAUGUAGCC ACGUUCAUC	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr12_10416	0.96	CUCUGCAGCGCCGGCACGGGAACGGAUCCCAA AAGCAGCUGUCCCCGACGCGCCAGCUGCCUGGG AUUUCGUUACCCGCGCCUCCGCCUCAGCCGCCGCC GCUACGC	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr1_7859	0.958	AUGACAGCUCUUGUAGCACUAAAGUGCUUUAUGU GCAGGUAGUGUACUAAUCUACUGCAUUAUAAAG CACUUAAGUACUGCUAGCUGUAGAUCUACAUAU UCAGCAUGUU	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr1_936	0.95	CCGGGUGCGCCAGGCCUGGCUAGGUAGUAGUUU GUGCUGUUGGUCGGGUUGUGACAUUGCCCGCUGU GGAGAUAAACUGCGCAAGCUACUGCCUUGCUAGUG CUGGUGAUG	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chr2_23593	0.95	UUAAGCUAACUUUAGUUCUGUAAACAUCUAC ACUCAGCUAUAACAAGUGGUAGGGCUGGGGGGUG GAUGUUUACUUAACUGACUUGGAAAGGCAGCUU UCCUGAAUGA	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....
chrZ_41523	0.948	CUGCACAGCUUUCUUUAAUGUUGGUCUGUUUG GGUUCUGGCAUGAUGAUUUGUGAGUUUAGAUUA AAAUCACAUUGCCAGGGAUUAACCAUAGCCAUG ACCGCA	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))))).)))).)))))))).)))))))).)))))))).))))))....

chr33_30699	0.948	GGGUGCCACCCACCCUGGCAGCGCCCGGGCCGAG GUUCUGUCCUACACUCCGGCUGUGGCUAUGGGCA GUCAGUGCAUCACAGAACUUGGUCGCCGGGAGCUC AGCAG	(((.....)))..(((.....(((.....(((.....(((.....))) )))))).....))))))))))))))))))..))..
chr2_18747	0.946	GGGAGCAGUUCACAGGAAGUCCAGCUGGAAAGG GGGGCCGUUACACUGUAAGAGAGUGAGUAGCAGG UCUCACAGUGAACCGGUCUCUUUUCUGCUGUGU CAUGCC	(((.....))) ))...(((.....(((.....(((.....(((.....))) )...))))))))))))))))))))))))))))))
chr7_34091	0.946	CAUAUUGGGAUGGCCUGACUUUGAGCUGUUGAAU UCGGGGCCGUAAACACUGUCUGAGAGGUUUAUAU UCUCACAGUGAACCGGUCUCUUUUCAGCUGCUU CCUGGC	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr20_24659	0.944	CACCUUUGAGGGAGCGGCAGUUAAGACUUGUAGU GAUGUUUAGAUAAUGUAUACAUGAACAUACAU UAAGUCUGUGCUACUUCUCUCCUCAUUCUUGUCG GCGGGAAAG	..(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) )...))))))))))))))))))))))))))))))
chr4_32054	0.942	UUCUCUGGAC AUGACUGUAUCUCUGUGCUUCAG CUUCUUUACAGUGCGCCUUGUUGCGUUCAGUC AAGCAGCAUUGUACAGGGCUAUGAAAGAACAGAG GCAUGCUCUU	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr13_11753	0.94	GAAGAUGAAAAGAACAUCUGUCUUGCGCCUUCG GCUUCUUUACAGUGCGCCUUGUUGCAUAUGGAU CAAGCAGCAUUGUACAGGGCUAUGAAGGCACUGA GUCUUCUCU	(((.....(((.....)))..(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr4_31644	0.94	CACGGUAAGCUUUGUUUUGCUGUUGCGGGUGGA UCACGAUGCAAUUUUGAUUAGUUAGUAGGAGAA AAAUUGCACGGUAUCCAUCUGUAAACC GCAGAC CUUCAUC	...(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr28_28209	0.938	CUCUGUGGUCUGGCUCUGUGUGGAAGACUAGUGA UUUUGUUUUUAGAUUUUAAAAGGUGACAACAAA UCAUAGCCUGCCAUCACAGCACAGAUCUUCACCU UGCUGUAAGGAA	..(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chrZ_45173	0.936	GAUGUUGGUCUAGUUCUGUGUGGAAGACUAGUGA UUUUGUUUUUAGAUAAUUAUUUGACAACAA AUCACAGUCUGCCAUAUGGCACAGAUAUGCCUC UACAGGACAAGU	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr10_9089	0.936	AGGACGGCCGCGGUGCCUCUGGAAGACUAGUGA UUUUGUUUUUAGUUGGCUAUCCACCACAACAA GUCACAGUCUGCCUAGGGCGCACGGCCCGCCGG CGCUGCAGGAG	..(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr2_23337	0.934	UCUGCUUGCUCUGGUGGAGAUUUGCACAUAUCU AAGUUGCAUGUUGCAGCGCCUCAGUGCAAUUUA GUGUGUGCGAUACUUCACAUGAGUGCAUGCACA CGGGUAUGG	..(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr2_19127	0.932	GGGUUCACACACUCUCAGCUUCCUGGGAUGG AGUUGUCCUUGUGCUGGACAGCAGAGAGGAGCA AAGCAUACUGACACUCCACAGGCAGCCAGUGGAG AUGAAAUCAUUA	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr1_7865	0.93	GGUUGGUCAGAGUAAUGUCAAAAGUGCUUACAGU GCAGGUAGUGAUAAUAGAACCUACUGCAGUGAA GGCACUUGUAGCAUUAUGUUGACAGCUGCCUCAG GAGAUCUUGC	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chrZ_41525	0.928	UGAGACGGAGACCUCUCUGGUGAGGUGCAGAGCU UAGCUGAUUGGUGAACAGUGAUUGUUUCCUCUU UGUUCACAGUGGCUAAGUUCUGCACCUAAGAGA AGGUGA	.....(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr1_2080	0.928	GAAGCUGUGUCAUCCGGGUUGAGGUAGUAGGU GUAUGGUUUAGAGUACACCCUGGGAGUUAAUCUG UACAACCUUCUAGCUUUCUUGGAGCACACUUGA GCCAUCGAG	(((.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr9_35428	0.928	CGGGGGUGGUGGCGGGACGCUCACGAGCGUGCGG AUGAUUUGGCGGCACAGUGGGCAGUUGUUCUGU CGGCGGCCAGCGCUAAUGCAGCGCCUGCAGAA GGUGUGCCUGCA	..(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))
chr1_485	0.916	CUUGCAGAUCUCAGUAACCCUUUAGAGGAUGAC UGAUUCUUUUGGUGUUCAGAGUCAAUAAUAUU UCUAGCACCAUUUGAAAUCGGUUAUAGUGAUUGG	.....(((.....(((.....(((.....(((.....))) ))))))))))))))))))))))))))))))

		GGAAUUG	
chr26_26882	0.916	CUGAGCCAGAAAAUGUCUCUACACAGGCUGAC CGAUUUCUCUUGGUGUUCAGAGUCUCAGUUUCUG UCUAGCACCAUUUGAAAUCGGUUAUGAUGUAGGG GGAAAAGCA	.....((((((((((.....((((((((.....((((((((.....)))))))). )))))).....))))))))).....
chr9_36157	0.914	UUGCCCUACUUGUUCGCCCUAGCAGCACGUAAA UAUUGGUGUAGUAAAAUAAACCUAAACCCCAAU AUUAUUGUGUCUCUUAAGCGUGGCAGAGAUUCAG CAACUUGUU	(((.....((((((.....((((((((.....((((((((.....)))))))). ))).....))))))))).....
chr9_36158	0.908	AUUUUUCUGUUAAUGAAUCUGUGCUCUGACAUG UGGAUGAAUAGAAGAGUUGCCCUACUUGUUCGC CCUAGCAGCACGUAAAAUUGGUGUAGUAAAAUA AACCUUAAA	(((.....((((((((.....((((((((.....((((((((.....)))))))). )))))).....))))))))).....
chr1_8055	0.904	UGCUGAUGUCUGUCAUACUCUAGCAGCACGUAAA UAUUGGUGUAAAAACUGUAAAAUAUCUCCAGUAUU AACUGUGCUCUGAAGUAAGGCUAGCCACUUCUG CAUGUGAGU	(((.....((((((((.....((((((((.....((((((((.....)))))))). )))))).....))))))))).....
chr9_36159	0.904	GUGAGGCCUAAAAGUACUCUAGCAGCACAUCAUG GUUUGCAUGCUGUAGUGAAGAUGCGAAUCAUUAU UUGCUGCUUAGAAAAUUAAAGGAAGAUAAACAGU UGAAGACA	.....((((((((((.....((((((((.....((((((((.....)))))))). )))))).....))))))))).....
chrUn_NT_4650 61v1_38058	0.9	ACUGCACACUGGGGCCUACAUUCCUGAGUGACC UGCAGGGUCUGGCGCUGGGUCAGGGAAUGACCCA CAUACCAAGGUCUGGGUGCUCUCAGCUGAUGGCA GGGGUAAACCAUCC	.....((((((((((.....((((((((.....((((((((.....)))))))). .....)))))).....))))))))).....

**Supplemental Table 3.** miRDeep predictions at score level 9 or 10 (46):

Chromosomal location	miRDeep2 score	Precursor sequence	Secondary structure
chr19_14476	2.4e+4	GGCUGUACCAUCCUGUCGGAUAGCUUAUCAGACUGAU GUUGACUGUUGGAUCUCAUGGCAACAACAGUCGGUAG GCUGUCUGACAUUUUGGUUAUCUCUCAUCUGACCGUU	((.....)).....
chr1_2078	2.1e+4	CUGUGCUGCCAAUUGGCAUAAAACCCGUAGAUCCGAUC UUGUGUUGAAAUGCACUGCACAAAGCUCGCUUCAUGG GUCUGUGUCAGUAUGGUGAUCUGGCAAAAAGUUUA	.....)).....
chr13_11956	2.0e+4	AGCAGCUGGGGGCUCUCCAUGUCUCCAGCCAAAGG UGCAGUCUGCAUCUCUGGUCAAUUGGGAGUCUGAGA UGAAGCACUGUAGCUCGGGAAGGAGGAACUGUGCCC	.....)).....
chr6_33562	1.9e+4	AUUUGGCUCGUUUUCCUUUUUCUAUGCAUAUACUU CUUUGAGAGUUUGAUCUAAAAGAGGCAUAGAGCAUGG GAAAAUGGGGCGACUGAGGUACUCCGCCAUUCAUUC	.....)).....
chr7_34267	1.8e+4	CCGAAGAGGCUGGGCGUGGGUUAAGUAAUCCAGGAU AGGCUGUGGUCUGGCAGUCAGCCUGUUCUAGGUUACU UGGCUCGGAGCCCGCCGACGCUUCGCCUGGAGAU G	.....)).....
chr2_17954	1.8e+4	UACAGAAGGCUGUCACCUGGUUCAAGUAAUCCAGGAU AGGCUGUAUCCAUCCUGCGCCUUAUUCUUGGUUAC UUGCACUGGGAGCCGACGCCAGUCGCAAAUAGG	.....)).....
chr1_NT_456233 v1_random_1629 0	1.4e+4	GUCUGACUGUCCUUUGGGUGAGGUAGUAGGUUGUA UAGUUUAGGGUUAUGCCCUGCCUGUCAGAUAAUAU ACAAUCUACUGUCUUCCUGAAGUGGCUGUGAUUCA U	.....)).....
chr1_1805	1.4e+4	AGUCUGACUGUCCUUUGGGUGAGGUAGUAGGUUGU AUAGUUUAGGGUUAUGCCCUGCCUGUCAGAUAAUA UACAAUCUACUGUCUUCCUGAAGUGGCUGUGAUUCA A	.....)).....
chr12_11210	1.4e+4	GAUGCCUGCACUGUGGAUGAGGUAGUAGGUUGUAU AGUUUAGGGUCAUACCCGCACUGGGAGAUAAUAU ACAAUCUACUGUCUUCCUAAAAGCAGCAGAAAUCA C	.....)).....
chr26_26871	1.4e+4	UGUACUGCUCUGUGGAGGUGAGGUAGUAGGUUGUAU AGUUUGGUGGGAGGGAUUCUGUCCAUUUCAGGUGA UAACUAUACAGUCUAUUGCCUCCUAAAAGAGCAGCA AUA	.....)).....
chr24_26206	1.4e+4	UUGACUGCAUGCAUCCAGGUUGAGGUAGUAGGUUGU AUAGUUUAGAAUACACCAAGGGAGAUAAUCUGUACA ACCUCCUAGCUUCCUUGGGUCUUGCACAAAAGCGGCG UG	.....)).....
chrUn_NT_4673 19v1_39025	1.3e+4	ACCCCGUGCCCCCCCCGGGUGAGGUAGUAGAUUGUA UAGUUGGGGUCACACGCCCGCUCGGAGAUAAUAU UACAGUCUACUGUCUCCUGUGGGGGGUGUAUGGCA U	.....)).....
chr12_11207	1.3e+4	UACAUGCUUCUCUGUCAGAGUGAGGUAGUAGAUUGU AUAGUUGUAGGGUAGUUAUUUACCCUGUUCAGGAG AUAACUAUACAAUCUAUUGCCUCCUGAGGAGUAAA ACA	.....)).....
chr2_21250	1.2e+4	CCGCGCCGAGGAGGAUCCGGUCUCCUGAAGCAAAGU UCUGUGACACUCAGACUCUGGUUACGAUAGCAGUCAG UGCACUACAGAACUUUGUCUCCGGGGGUCGCGCGGC G	.....)).....
chr23_26080	1.0e+4	UUCGGGGCAGUCAUCGUCUGUAACAUCUUGACU GGAAGCUGUGAGGUGUCAGCGGGGCUUCAGUCGGA UGUUUACAGCUGCAGGCUCGUCAGUCACCUGGGUG	.....)).....





		UA	
chr12_10416	3.3e+3	CUCUGCAGCGCCGGCACGGGCAACGGAAUCCAAAAG CAGCUGUCCCCGCAGCGCCAGCUGCCUGGGAAUUC GUUACCCGCGCCUCCGCCUCAGCCGCCGCCGCUACGC	....((((((((((((.....)))))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr7_34091	2.6e+3	CAUUAUGGGAUGGCCUGACUUUGAGCUGUUGAAUUCG GGGCCGUAACACUGUCUGAGAGGUUUAUUAUUCAC AGUGAACCGGUCUCUUUUUCAGCUGCUUCCUGGC	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr19_14784	2.5e+3	CCUCUGCCCGCUCUCCUGGCUGCCCGGCAGCAGUUCUUC AGUGGCAAGCUUUUGUCCUUCUCUAGUAGCUAAAGC UGCCAGUUGAAGAACUGUUGAAUGUAGCCACGUUCAU C	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr1_936	2.5e+3	CCGGGUGCGCCAGGCCUGGCUGAGGUAGUAGUUUGUG CUGUUGGUCGGGUUGUGACAUUGCCCGCUGUGGAGAU AACUGCGCAAGCUACUGCCUUGCUAGUCUGGUGAUG	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr2_18747	2.5e+3	GGGAGCAGUUCACAGGAAUGUCCAGCUGGAAGGGGG GCCGUUACACUGUAAGAGAGUAGUAGCAGGUCUCAC AGUGAACCGGUCUCUUUUCUGCUGUGUCAUGCC	(((.....)))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr1_8055	2.4e+3	UGCUGAUGUCUGUCAUACUCUAGCAGCACGUAAAUAU UGGUGUUAAAACUGUAAAUAUCUCCAGUAUUAACUG UGCUGCUAAGUAAGGCUAGCCACUUCUGCAUGUGAG U	(((.....)))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr4_32054	2.4e+3	UUCUCUGGACAUGACUGUAUCUCUGUGCUUUCAGCUU CUUUACAGUGCUGCCUUGUUGCGUUAUGUCAAGCAG CAUUGUACAGGGCUAUGAAAGAACAGAGGCAUGCUCU U	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chrZ_45173	2.4e+3	GAUGUUGGUCUAGUUCUGUGUGGAAGACUAGUGAUU UUGUUGUUUUAGAUAAUUAUUUGACAACAAUUA CAGUCUGCCAU AUGGCACAGAUC AUGCCUCUACAGGA CAAGU	((.....))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr28_28209	2.2e+3	CUCUGUGGUCUGGCUCUGUGUGGAAGACUAGUGAUUU UGUUGUUAUGAUUUUAAAAGGUGACAACAAUUAUA GCCUGCCAUACAGCACAGAUCUUCACCCUUGCUGGUA GGAA	..(((.....)))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr33_30699	2.1e+3	GGGUGCCCACCCACCCUGGCAGCGCCGGCCGAGGU UCUGUCCUACACUCCGGCUGUGGCUAUGGGCAGUCAG UGCAUCACAGAACUUGGUCCGGGAGCUCAGCAG	(((.....)))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr2_23593	2.1e+3	UUAAGCUAACUUUAGUCCUGUAAAACUCCUACACU CAGCUAUAACAAGUGGUAGGGCUGGGGGUGGAUGU UUACUUAACUGACUUGGAAAGGAGCUUUCUGAAU GA	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr5_32451	1.9e+3	CCCGCCCGCGCCUCCUCAGCCUCCUUGGUGCAGUGG UUCUUAACAGUUAACAGUUCUCUAUCAUAAUUGUGA AAUGUUUAGGACCACUUGACCAGCGAGGCCCGGCAU C	..(((.....)))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chrZ_41525	1.7e+3	UGAGACGGAGACCUCUCUGGUGAGGUGCAGAGCUUAG CUGAUUGGUGAACAGUGAUUGUUUCCUCUUGUUA CAGUGGCUAAGUUCUGCACCUGAAGAGAAGGUGA	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chrZ_47473	1.5e+3	UUCAUGCAGAGCUGGAGGGGAGGCAAGAUGUUGGCA UAGCUGUUAACCUAAAACUGCUAUGCCAACAUUU GUCAUCUUCCUGUCUGUUUGCGUCAGAGACAGAUUC UAA	.....(((.....(((.....))))))..))) )))))))).((.....))..))))))....
chr20_24659	1.4e+3	CACCUUUGAGGGAGCGGCAGUUAAGACUUGUAGUGAU GUUUAAGAUAAUGUAUUAACAUGAACACUUAAGU CUGUGCUACUUCUCUCCUCAUUCUUGUCGGCGGAAG G	..(((.....)))..(((.....))))..))) )))))))).((.....))..))))))....

**Supplemental Table 4.** miPIE unique predictions above 90% threshold (27 of 71):

<b>Chromosomal location</b>	<b>miPIE score</b>
chrUn_NT_476229v1_39857	1
chrUn_NT_470375v1_39465	1
chrUn_NT_467319v1_39026	0.994
chr12_11208	0.992
chr26_26872	0.988
chr24_26204	0.988
chr4_31646	0.984
chrZ_43419	0.972
chr8_34624	0.97
chrZ_40851	0.97
chr17_13325	0.964
chr1_7859	0.958
chrZ_41523	0.948
chr13_11753	0.94
chr4_31644	0.94
chr10_9089	0.936
chr2_23337	0.934
chr2_19127	0.932
chr1_7865	0.93
chr1_2080	0.928
chr9_35428	0.928
chr1_485	0.916
chr26_26882	0.916
chr9_36157	0.914
chr9_36158	0.908
chr9_36159	0.904
chrUn_NT_465061v1_38058	0.9

**Supplemental Table 5.** miRDeep2 unique predictions above 90% threshold (2 of 46):

<b>Chromosomal location</b>	<b>miRDeep2 score</b>
chr5_32451	1.9e+3
chrZ_47473	1.5e+3

**Supplemental Table 6.** Novel sites predicted above decision threshold by both miRDeep2 and miPIE (44):

<b>Chromosomal location</b>	<b>miPIE score</b>	<b>miRDeep2 score</b>
chr7_34267	1	1.8e+4
chr2_17954	0.998	1.8e+4
chr6_33562	0.998	1.9e+4
chr13_11956	0.996	2.0e+4
chr2_21250	0.996	1.2e+4
chr19_14476	0.996	2.4e+4
chr1_2078	0.996	2.1e+4
chrUn_NT_467319v1_39025	0.994	1.3e+4
chr12_11207	0.992	1.3e+4
chr24_26206	0.99	1.4e+4
chr12_11210	0.99	1.4e+4
chr26_26871	0.99	1.4e+4
chr1_1805	0.988	1.4e+4
chr1_NT_456233v1_random_16290	0.988	1.4e+4
chr23_26080	0.988	1.0e+4
chr4_32121	0.988	1.0e+4
chr23_26082	0.988	9.8e+3
chr3_29472	0.984	9.6e+3
chr1_7856	0.984	6.8e+3
chr12_11115	0.984	5.8e+3
chr4_31648	0.982	6.3e+3
chr1_7858	0.98	6.3e+3
chr1_2082	0.978	8.3e+3
chr24_26208	0.976	8.3e+3
chr2_23595	0.974	7.0e+3
chr13_11953	0.972	6.9e+3
chr1_7862	0.968	3.8e+3
chr27_27144	0.968	4.2e+3
chr8_34310	0.964	6.5e+3
chr17_13326	0.962	6.5e+3
chr3_29470	0.96	4.5e+3
chr19_14784	0.96	2.5e+3
chr12_10416	0.96	3.3e+3
chr1_936	0.95	2.5e+3
chr2_23593	0.95	2.1e+3
chr33_30699	0.948	2.1e+3
chr2_18747	0.946	2.5e+3
chr7_34091	0.946	2.6e+3

chr20_24659	0.944	1.4e+3
chr4_32054	0.942	2.4e+3
chr28_28209	0.938	2.2e+3
chrZ_45173	0.936	2.4e+3
chrZ_41525	0.928	1.7e+3
chr1_8055	0.904	2.4e+3

**Supplemental Table 7. Novel microRNA predictions by miPIE at different precision thresholds on the 6 test species**

	All microRNA predictions	Above 80% threshold	Above 90% threshold	Above 95% threshold
Chicken	186	106	71	47
Horse	400	265	192	143
Cow	331	147	105	74
Mouse	382	252	198	150
Human	181	81	54	43
Fruit-fly	98	50	36	24