CA\_SC5314 Code

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_1.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_1\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_1.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_2.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_2\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_2.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_3.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_3\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_3.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_4.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_4\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_4.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_5.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_5\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_5.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_6.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_6\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_6.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_7.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_7\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_7.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_8.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_8\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_8.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_9.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_9\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_9.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_10.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_10\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_10.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_11.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_11\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_11.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_12.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_12\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_12.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_13.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_13\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_13.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_14.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_14\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_14.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_15.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_15\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_15.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_16.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_16\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_16.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_17.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_17\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_17.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_18.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_18\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_18.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_19.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_19\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_19.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_20.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_20\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_20.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_21.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_21\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_21.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_22.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_22\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_22.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_23.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_23\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_23.out &

nohup IntaRNA -t CA\_SC5314\_24.txt -q human\_mature\_miRNA.fasta --outMode=C --threads=2 --out CA\_SC5314\_24\_targets.txt &> nohuphsa-CA\_SC5314\_24.out &