

Satellite DNA in *Vicia faba* is characterized by remarkable diversity in its sequence composition, association with centromeres, and replication timing

Supplementary Information

Laura Ávila Robledillo^{1,2}, Andrea Koblížková¹, Petr Novák¹, Katharina Böttinger^{1,2}, Iva Vrbová¹, Pavel Neumann¹, Ingo Schubert³, and Jiří Macas^{1,*}

¹ Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Institute of Plant Molecular Biology, České Budějovice, 37005, Czech Republic

² University of South Bohemia, Faculty of Science, České Budějovice, 37005, Czech Republic

³ Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), 06466 Gatersleben, Stadt Seeland, Germany

* corresponding author (macas@umbr.cas.cz)

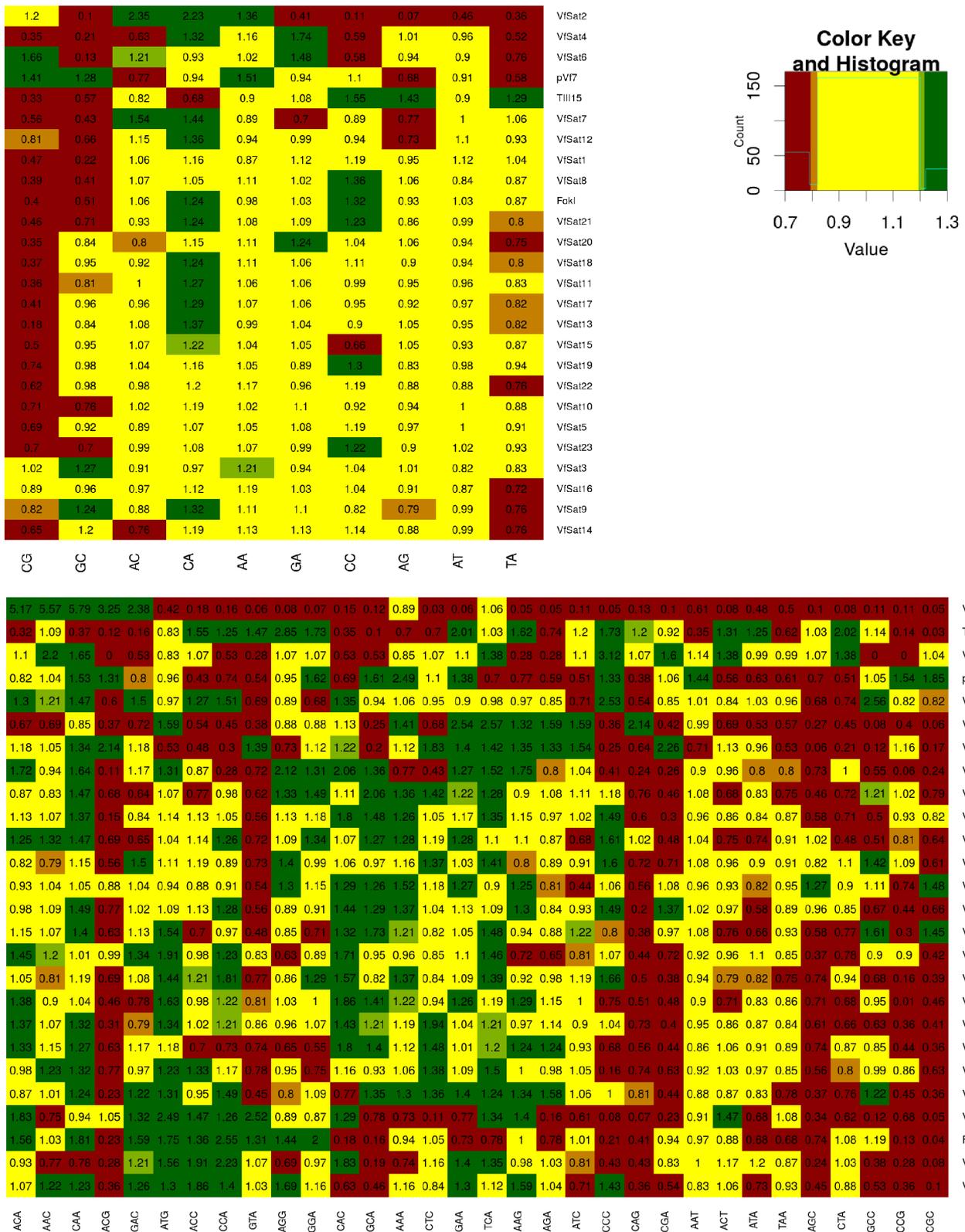


Figure S1. Frequencies of di- and tri-nucleotides in *V. faba* satellite repeats. Representation values ρ^*_{XY} and ρ^*_{XYZ} for di- and tri-nucleotides respectively were calculated from sequence reads according to Karlin and Burge (1995) and are shown by numeric values and colors of the heatmap. A deviation of ρ^*_{XY} and ρ^*_{XYZ} value from 1 reflects marginal (1.20-1.22) or extreme (>1.22) over-representation, or marginal (0.79-0.82) or extreme (<0.79) under-representation.

```

VfSat4          CTGATGAAATTTGAAGTGAACATAAATCTGAAGAAAAT
VicTR-B         CTGATGAAATTTGAAGTGAATATAAGTCTTCAGAAAAT
*****
-----

VfSat6          AAGATTTAACACGACGAGTGTTT-GAATCAATACGGACGAGTAT---CAAAGA
PST_TR5         AATGATTAACACGGACGAGTGTTGAAAATCAATACGGACGAGTATTGACAAAGA
**  *****  *****  *****  *****  *****  *****

-----

VfSat1          CAAATTTTAGGTTACTTTCATCACTAAGAACTAAGTT-AAAAGACTATTACTTAATGACA
PST_TR9         CAAATTTTGGTTTCTTTCATCACTAAGCAACAAAGTTAAAAAACTATAATAGAATGATT
*****  ****  *****  *****  *****  *****  *****  *****

VfSat1          CATATTCATATACATTTGAAATAATTCAAATTATCTAATGAGTCTCGATAGTATATTTA
PST_TR9         CATATTATATATAAATGGGTAACAAGTGAATTACATAATCAATATCAATATTATTTGTA
*****  *****  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

VfSat1          TTCACCATATTCATATTGTATTATGGTATAATAGATGTAACAATTTCAATATTTTCTT
PST_TR9         TTCGGCATATTCACATTGTATTATGGTATATTATATGTAGATAAATTCATAAGT---TT
**  *****  *****  *****  *****  *****  *****  *****  *  *

VfSat1          CTTCTCCATCAC
PST_TR9         CTTCTACATCAC
*****  *****

```

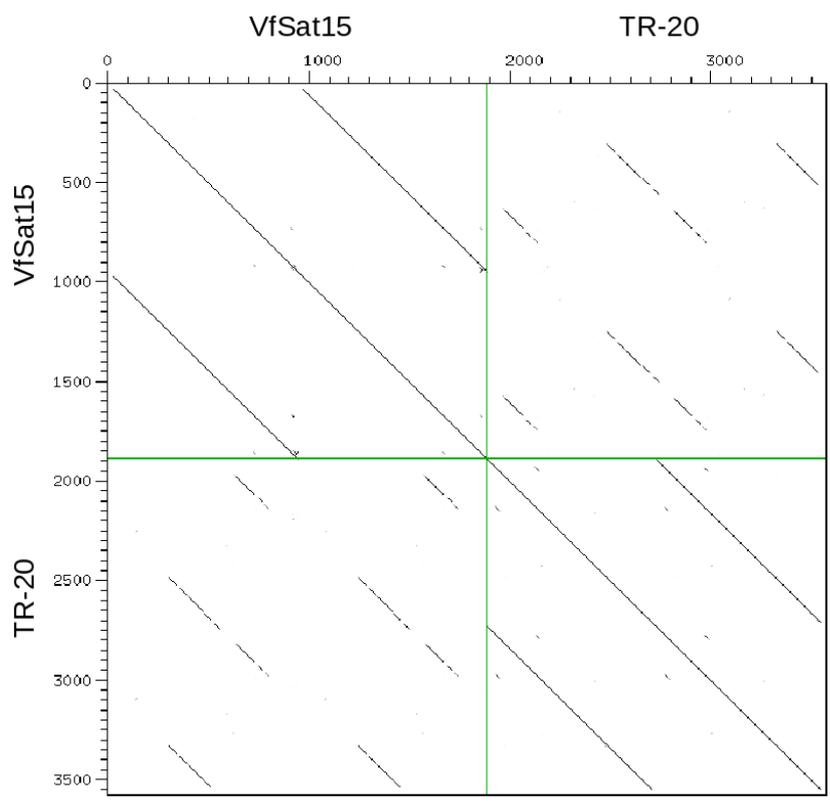


Figure S2. Sequence similarities of *V. faba* satellites to repeats from *Pisum sativum* (PST_TR5, PST_TR9 and TR-20) and *Vicia sativa* (VicTR-B). The similarities are shown as pairwise alignments of consensus monomer sequences, except for VfSat15/TR-20 which are due to long monomers and only partial similarity compared using dot-plot of dimer sequences with similarity threshold of 70 identities over 100 nucleotides.

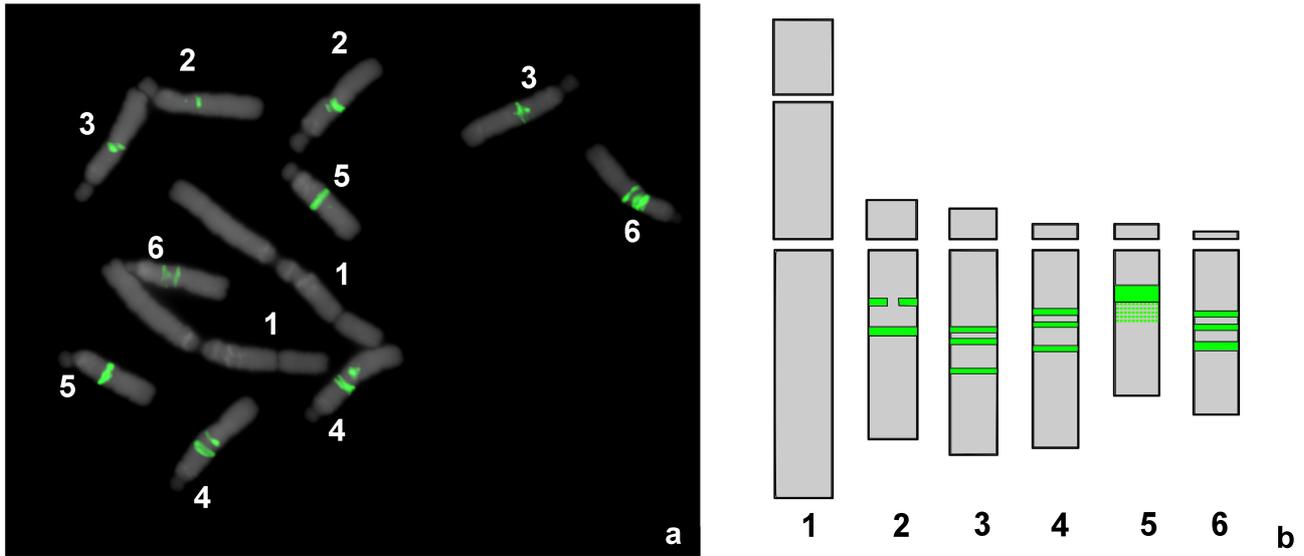


Figure S3. Discrimination of individual *V. faba* chromosomes based on their morphology and distribution patterns of FokI repeat. (a) FISH labeling of FokI repeats (green) on metaphase chromosomes. **(b)** Schematic representation of chromosome morphology and FokI patterns. The polymorphic FokI band on chromosome 5 is marked with dotted pattern.

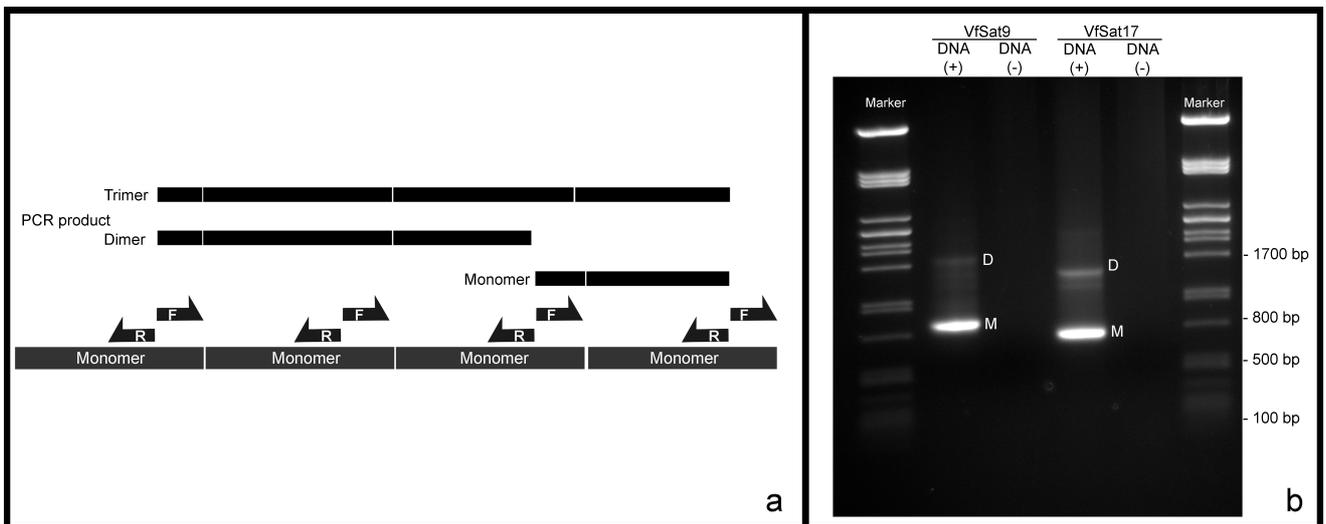


Figure S4. Design of primers used for PCR amplification of satellite repeats from genomic DNA. (a) Forward (F) and reverse (R) primers were facing outwards from predicted repeat monomers, thus generating amplification products only when their target sequences were arranged in tandem. **(b)** Example of agarose gel electrophoresis of amplification products from *V. faba* genomic DNA using primers for VfSat9 and VfSat17 repeats, showing bands corresponding to amplified monomer (M) and dimer (D) sequences.

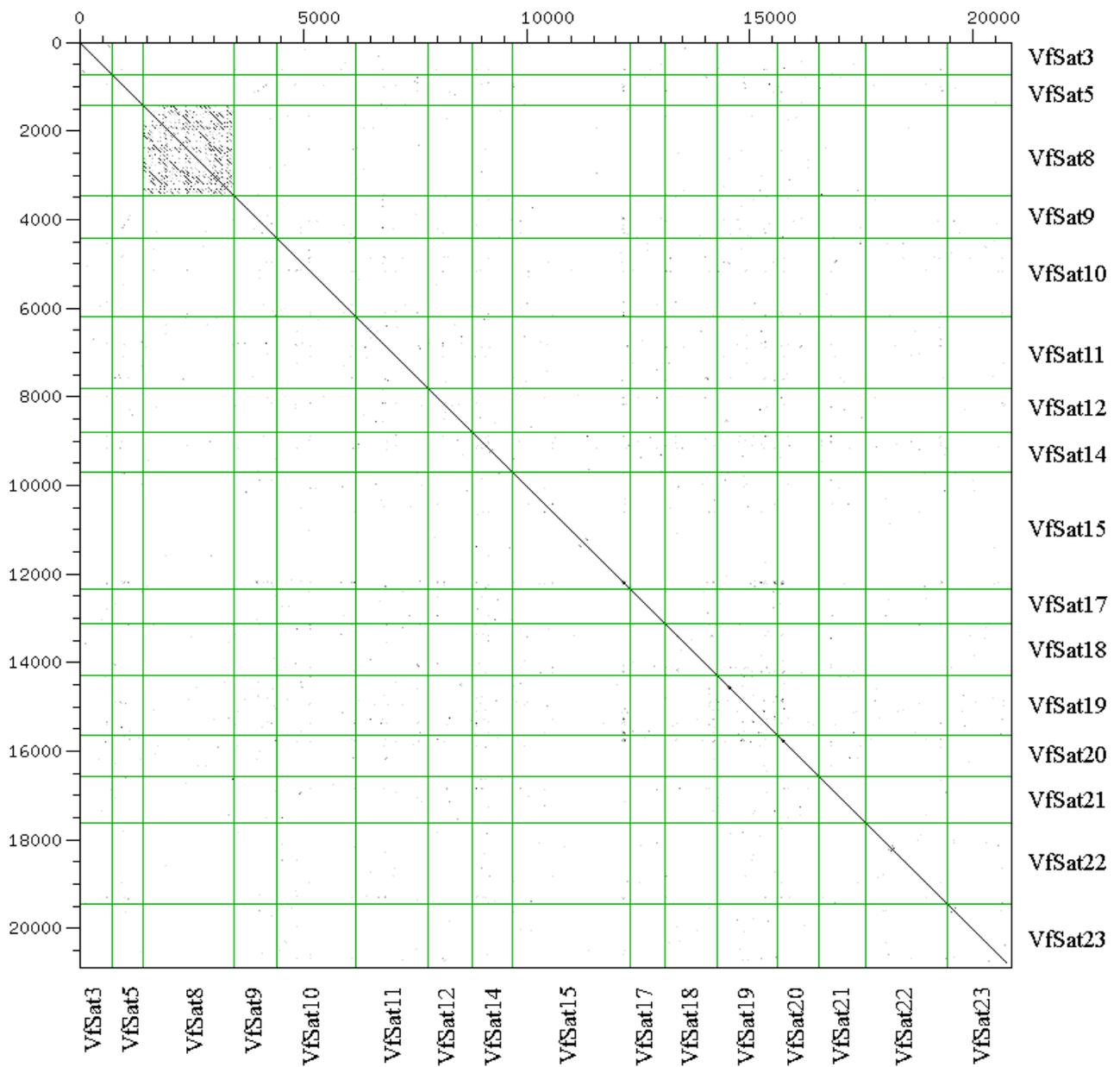


Figure S5. Dot-plot comparison of satellites with long monomers. Similarity threshold of 70 identities over 100 nucleotides was employed.

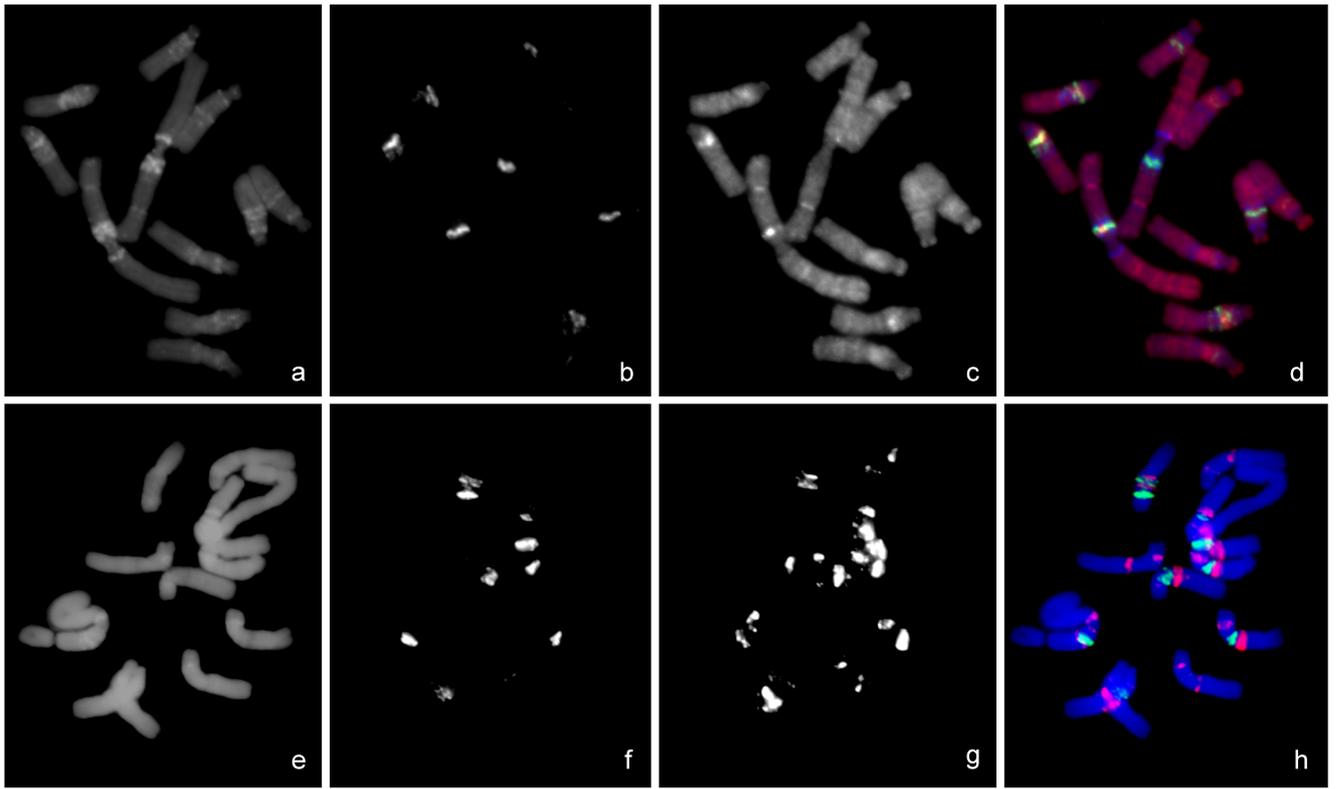


Figure S6. Combination of replication assay (EdU labeling, red) showing early (**a-d**) and late (**e-h**) replication patterns with FISH detection of Vfsat2 (green). Chromosomes counterstained with DAPI are shown in blue.

Table S7. Replication timing of satellite repeats.

	Replication time (hours since the start of S phase)								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
VfSat2 included in dispersed labeling pattern*	+	+	+	+	(+)	(+)	-	-	-
Centromeric satellites	-	-	-	(+)	+	+	-	-	-
VfSat1	-	-	-	-	(+)	+	+	-	-
All remaining satellites	-	-	-	-	-	(+)	+	(+)	-
FokI	-	-	-	-	-	(+)	+	(+)	(+)

* VfSat2 did not replicate during late S phase (hours 7-9) but its exact replication timing was not determined due to the lack of distinct patterns on the background of dispersed labeling during early/mid S phase

Table S8. Sequences of oligonucleotide FISH probes.

ID	Probe	Label	Sequence 5'→3'
VfSat1	VFBm2H1	Biotin	CTTTAACTTAGTTTCTTAGTGATGAAGTAACCTAAAATT TGGTGATGGA
FokI	VFBm3_Fok_H1	Fluorescein	CTACCTTCCATAATGACAAGGCTACCATCCATTGGAGTAA CAAAAATCTC
VfSat2	VFBm15H1	Biotin	CAACAACAACAACAACAACGTCAAATAACAACAACAA CAACAACAAC
VfSat5	VFBm105H1	Biotin	AGCTCCCATCATCCAAGTAGGTAGTGCTATCTCACTCCT
pVf7	pVF7_TA_CL34	Biotin	TAAACCGAGGGCTTGTCGAAACGCTACGAAACTTTGGG GACACTCTCAAT
VfSat6	VFBm127H1	Biotin	ATCAAAGAAAGGTTTAAACACGRACGAGTGTTTGAATCA ATACGGACGAGT

Table S9. PCR primers used for amplification of satellite repeats from genomic DNA and GenBank accession numbers of cloned probes.

Satellite	Primer	Sequence 5'→3'	Accession number
VfSat3	Vf_TA_CL39_1	AGCACGAATAAAACTAAAGTTC	MF796528
	Vf_TA_CL39_2	TACTTTTGAAGTGAAATGGAG	
VfSat4	VFBm102c102F	GCAGAAAATCTGATGAAAAATGATG	MF796529
	VFBm102c102R	TTGTTCACTTCAAATTTTCGTCAG	
VfSat7	VFBm144c57F	TACCATAATGAATGGACCTTTATACT	MF796530
	VFBm144c57R	CGTTACATATTTTGACTAAGTACTTTTAATATG	
VfSat8	VFBm164c16F	CTAATCATGTTATGTCTCATGTAGTTTC	MF796531
	VFBm164c16R	GAAATGTTAATATCTTGTTAATCAAAGACT	
VfSat9	VFBm168c23F	CTATTTTCAAATGTATATTCGACATGC	MF796532
	VFBm168c23R	TAGGCCTTTTAGAATCAGTTATTGACA	
VfSat10	VFBm186c4F	AGGAAACAAATAACATTGCATTCTC	MF796533
	VFBm186c4R	ATTTTACCCTCTCTACAAAGATTGAT	
VfSat11	VFBm187c11F	CCAAAACAATAACAACAACATCAA	MF796534
	VFBm187c11R	CTTATGTTGTTTAGCGACATTGGA	
VfSat12	VFBm190c10F	TGTGTTTCAGTTCAAATGTGTGTCT	MF796535
	VFBm190c10R	AAATGTGAGATAACAACACTACGGACA	
VfSat13	VFBm197C23F	GGTTATAAAACAACAAGCAAAGTAAG	MF796536
	VFBm197C23R	CCTTGCATGTTTCCCTTTAT	
VfSat14	VFBm198c11F	CTCTCTGTTCAATTTCTCAATCGTC	MF796537
	VFBm198c11R	GATTATATCTGCGAATGCCTGAA	
VfSat15	VFBm199F	TGAGAAGTCGTCCATCCTGA	MF796538
	VFBm199R	TTGCACAAAGAGAACTTAAGGAA	
VfSat16	VFBm200C23F	ATCAAATTAGTTGGGGCTTG	MF796539
	VFBm200C23R	TTCGGCAATCGTAATCAAC	
VfSat17	VFBm205c11F	GGTATGAGAATGGTGTATCTTTTATCA	MF796540
	VFBm205c11R	AGAAAAGATATTTGGTTTCGAATGA	
VfSat18	VFBm207c9F	AAGATTCATCGGAAGTATTCCTTTT	MF796541
	VFBm207c9R	GAGAAATCACTTTGTAAAGAATTTGGA	
VfSat19	VFBm220c12F	TTCTGCACAAGTAAATGAATGGTTAT	MF796542
	VFBm220c12R	GGTTGAAGCCACTTATAAATCTCAA	
VfSat20	VFBm224c8F	ACTGGGCAGAAAAATGAGACTTA	MF796543
	VFBm224c8R	TTCAACTTTGCAAAAGGGGTTA	
VfSat21	VFBm233c2F	CACACTATTGTAATCTCCTTGCAAAT	MF796544
	VFBm233c2R	ACAAAATGGGGTAGCATGGA	
VfSat22	VFBm237c7F	TCAAATAGGACAACGTATTTAAGCAA	MF796545
	VFBm237c8R	TAATGCAGTGTGTCAATGTTGG	
VfSat23	Vf_TA_CL281_2	TAACCCAAGAGGACCCAATG	MF796546
	Vf_TA_CL281_1	GATACCTTCCTCACCCATACA	

Supplementary Data S10 - Reconstructed monomer sequences

>VfSat1_TA

CATACCAAAATTTTAGGTTACTTCATCACTAAGAACTAAGTTAAAAGACTATTACTTAATGACACATATCCATATACATTTGAAATAAT
TCAAAATTAATGAGTCTCGATAGTATATTTATTCACCATATTCATATTGTATTATGGTATAATAGATGTAAACAATTTCAATATTTTT
CTTCTTCTC

>FokI_TA

TCCATCGGAGTAACAAATCTCAACAACGAACATCTCCATAATGACGAGACTACCA

>VfSat2_TA

TTTATTTGACGTTGTTGTTGT

>VfSat3_TA

TAATAACTAAAAAGGAGGCAAACCTAAATTGGTGGGTGTAATGAAATTTTCGCACAAACAGTAGCGTAGGTCCAATAAACGCTTTGTCAAC
ACCAAGTATTTTTCTCGAAATCAAACATTTTCAAATATTTTCATAACAAATGCACTCGAAGGACACATGCATTAAGTAGTGAAGAAGGA
ATGATTAATGTATGTCCCTTTGTTCTTAGTCCGACGACGCTGGCTGTATAGGTTATCGTTCGAATGCTCACCTCACTCATGAACTTTAG
TTTTATTCGTGCTATATACTTTTGAAGTAAAATGGAGGAAAATGACTAGTTAGGCGTATGCTCCTTTATAAAGATTCTAATAAAGACAAA
GAAGAGTGATCTCTTCTGTCCAAAAGGGTAAACCACTTTGAAAGAGAAAATAGAGCAACAGACAATATGCCATAAAAAGTTATTTAATAGC
ACTTTCTTTTGTGTTTGTATAGCGCTGAAAAGCGCTATTAACCGTGCCACTAATGTGAACGATTTTGTAAATAGCACTTTAAAAGAGCTAT
TAAAGTACTAGTTTTTAATATAAAAATAATAATTAATAAACAATAACTAATAAGGAGGCAAACGAAATTTGTTAGGAAAATGAATATT
TTTTCATAAACAATAGCGTCGGCTGAACCGTCGCTAATATAAAAAATAAATAATTATTTAAAA

>TIII15_TA

TACTTCGAAATGAAAGCCTGGATAGTAGGGCTGTGAGAAGGAACCTGGATAGTAGGGT

>VfSat4_TA

CTGATGAAATTTGAAGTGAACATAAATCTGAAGAAAAT

>VfSat5_TA

GTCATGATAGTGAATGGCTATTTCTATAGTTAATGTAATATTTAGTTTATAAATAAATAATTATATCATATTTTCGTTTACGGCCTA
ATTTTGTTCATTAACATAAAGGACTTAGTTAGAATTGAGTTTGATTAATAAATGAATGAGTAAAAGTATGTATGTTTAAAGTATTTAAG
TTTGATTTTTATTTGTGAGATTTATATTTTGTGTTTAAATAAATATAAATAATGCTTTTGAGTAAATAACGATTAATTTAGATAGT
AATTTAAATTTCAAATTTAAATACTATCATTATAGTCAAACTTTGATTGAGGGTGAAAAATAAATTAATTCAGCATATTTATTCTCATT
GATTTTTCAATTTGTCAATTTATTTAACATTACTTGAATTTGTTAATTTACAAATGTTTAAAGTGAATAGACTTTTATATAGGTTTGTAGGC
TAATCAGACATTAATAAATGACTAGGCTCAGATCTACAATAAGCTTATAATAGATTACCGTTTCATACTTTACATCCTTTATAGATTTAGA
ATTTTTTAGCTCCCATCATCCAAGTAGGTAGTGCCTATCTCACCTTCGAATTTTTTATTCTTGATATGTGAAAGTCATTAGTATAAT
TTATCATTATTGAAAAATAAGTCACCTCTCTTTATAATTTGAATCTTTCATATGACAG

>pVf7_TA

GAAATTCAAAATAAACCGAGGGCTTGTGAAACGCTACGAACTTTGGGGACACTCTCAATGTGTTATTTGAGATGTCCATGCAAAAAATC
AGCAGGAGATTATTTTCTAAGGCGCGTTTGCCTCCGCTTCCGTTTTTGGCAAAAACGCAATTGCACGCGTACCGTCG

>VfSat6_TA

AAGATTTAACACGAACGAGTGTGTTGAATCAATACGGACGAGTATCAAAGA

>VfSat7_TA

ATGTACATTGATGAATGAACCTTTACACTAAGTCAAAGTATGTA

>VfSat8_TA

CGATAAGGTTTAAATCCTTTCAAATACTCATAGTATGTATAATATTCCTTTCTTTTCATTAGGTTTATTATGGTTTGAATTAAGCTTAAAT
GGGACAGGCCTTTCAAATGCTTATACAATGTAACATAGTTTCTTTCTTTAATTGGTTTTTAAATGACCGAGTATTTGGTCAACATGGATC
GGACCTTTTCAGCAAATCATATTATGTAATCTACTTCTTACATGTTTATTTATTTCTTTTCGATTTAGTCTTTGATCAAGAAGCGTTTCTAT
TTTCAACTACTAATTTTATAAGATGCATTTATTTAGTCATCTTTTATGTTACTAATTTACTAGGTTTATCCATCAAGGAATGAATATTTCA
ACTACTCAAATCATGTAATGTACTTTATTTCCTAATTTGGTTTCCCATGATTATGGCTTTGACCAACCCAGACTAGACATTTCAACTA
CTCATTGTACGTAATGTACTTATTTATTTTATTTGGTTTATTAGGTTTATGTTTATTAACAAGATATTAACATTTCAACTAATCATG
TTATGTCTCATGTA
GTTTCTTACTTTTAGTTGGGTTTTAAGGAATAGGTGTTTGGTCAGTAAAGAAGGTACCTTTGAAATACTCTTAGTATGTAAATCACTTATT
TTCTCTTCAATGCTTCTTTATGGTTGATTCTTGGGTTGATAAGGATTGATTCTTTCAATTACTCATAGTATGTGTAATATTTCTTTTATT
TCCATTTGGTTTATAATGGTTTGGAGATTTGTTTACATGGAAGGACCTTTAACTACTCTTATTTTATAGTGTAGTTTCTATCTATTTAT
TTTGATTTTAAATGACTAAGACTCTGACCTTTCAACTCATTATATTAGTTTACTACTTCTTACCTATTTATTTGGTTTCTTACCTTTAAGTC
TCTGACCAACAAGGGGTTCACTATTCAATTACTAATGTTATGTAATGATTTCTTTTATCTTTATTTAGTTTCTAATTACTAGGTCTTTGT
TCAATTAAGTAATTTGACCTTTCAACTTCTCAAAGTTTGAATGTACATTCTTTCTTTTATTTGGACTCTTAATGTAAGTCTTTGATCTAC
AAGGGTCATACATT
TCAACTTCTTATTATGTGTAATGTACTATGCTTCTTTAATTGGTTTTTGGGTTATATATATTTTATTAACAAGGTATGAACTTTTCA
ACTACACACATAATGTAATGTAGTTTGTCTTTTCAATTTGGTTTCGAAAACATGCTTTTGGTCAATAAAGAAGGAACCTTTTAAATFACT
CATAGTATGTAAGCAGTATTTTTCTTCAATTTCTTCTTTATGGTCGAGTCTTTGTTTCGATAAGGTTTGTCTATTCAACTGATCATAAT
ATGTTAATATTTCTTTCTTTTGTATTTGGTTTATTATGTTTGTGTTTAAATCGGGATGGACATTTCAACTACCAATATTTATTTAA
TTAGTTCTTTCTTTATTTGGTTTTTAAATAACTAAGTCTTTAGTCAACAAGGACCATGTTTCAACAATCATATTATGTAAAGTAATT
CTTACATGTTTATTTGGTTTCTTATGATTAAGTCGTTGATCAACAAGGATTCTTTTTCAACTACAAATGTTATGTAATGTATTTATTTT
ATCTTCAATTTAGTT

TAAATAAATATTTCTCGTATATCAACATATAAAAATTTTTGTGCATTGAATTTATAGACACACATTTGAACTGAAACACATATCCTTAATT
AAATGTGAGATAACAACTACGGACATACGACTACATATAACTAGTTATTGCACATTTGAAACAAAAGTATTGTTCCATTTATTGCAAATGA
CATCATAAGTTACACAAGTAATTTTTTTCAGTATTCATACATGTCACCTTATATTCATTATGATGAACGATATTTCCAAGCAAACGTAGTTA
GAT

>VfSat13_TA
TGCTTGTAGGAATACTTATTGTGATGTCTTGATTCACTTTCCTAT

>VfSat14_TA
TTTAGAAATCTTCTATATCAAATATGAGTGTACGGGAAATGACTTATTCATTTCCATTATTAATATACATTCTGAAATATTATTATAAAAA
TAATTATAAAAACTAGCTAAGAAAAACAAAAACAGAGTAAAAAATTGAAAACAATTTGTAACAAGTCACCAATTTAAGAAATTTAAAA
CATAATATATTTAGATAAAGAACTAATCAAACAAGTCAAAATTTATAACTTAATTAATAAACAATTTATTGTTGTTTGTGTTTTC
CCTTATTATATTTTTAATTTTTTCTTTCTACCTTTTTTATTCTATGGACGAACCTTTTTTTGTTCACTTATTTTTTTATAACTTTAA
TTTTGATTTTTACGTTATATTGGATTTAATTGAGATTTTGATATGTGCAATTGCCCTGCCATTTGCGATGGTTTTGATTTTTATGCTATTT
TAGCTGATGATTTGATATGCAACTTACGTTTATTTTTTTAATTGAATGTGCTTTGAGTATTTTACATATCCTGAATTGTGATATTTG
ATAGGATGAGTATCACATTAATTTTTTAAATTTAAACATCACAGGATTTTTGAATGGTACCTCTTTCTAAAAGATTTGACAATGAAGAAG
AGAAAAACAAAATACTAAATAGTAATGCAAAAGATATGCCGGAAGATATTAGGGAGAGAAAGGAGAATTGCCCTATGAAGCAGGTTGGAAG
TGCATTTGATTGGAATATATTCAATAAAAATAGGACGATTGAGAAATTGAACAGAGAGTAAAATTTAATGCAATTCTAATGATTATATCTGC
GAATGCCTGAATTTCCATTTTTAGAAAACATAGTATTAAATCTTTAGAAAACATAGTGGTTATCAACC

>VfSat15_TA
ATTTTTAAAATAAATTTTTAAAATTTAAATAACACATCATCTTGAATTTCTATTCACCTAAGATGACACAATTACTAAGAGTCATTATCTCT
GATTTTGCAAATTCATAGTAAATCTAGCTTCTTAAAAGTTTGATAAGTGTGTGCTGTGAATATAATATGTAATGTGATATAACATCA
CTTTAAAATATATACAAACAATATGAAGATCAATAGAGAAGACAAAACATATTAGTGTGTGCTTTAAAATACTCAAATCTTTAAAAAAA
TCATTCATATTTCTAATGAATCATGCAAAACAAAATAATAATAACACAATATAGAGATATGTTTGTAGAAAAATTAGAATTGTTATTCAA
ACAAGTTTTATCTTAATATTTACATATACGAGAAAGCAAAAATAAGAAGAAATCTAAGATTATTTGATGCAAAAAGAAATACATACTATTGT
TATATTTATCATCTTCTTAAGTTTCTCTTTGTGCAAGTATAACAATGACATGATCAAATTAAGATATGACATAAATCACCTTTATGCT
GAAAGAGTGTCTTTTTTATGTTGTTTTTCATCATAATATATAGTACCAATTTCTATAATAAGTTTACTATAATTTACTACTTTGT
AAGAGTTATAAGTAGTTAGTTTCTCTAGAACATAACAAGCAGTCACTTTTATGACATCTAGTAAGTGTGTATAAAATTTAAAATTTGATAAAT
AAATATATTTGCTCAAAAATTTGGGTAACATTAGTTAAAGGTTTTGGCTTTCTTTTTTAAACATTTCAATGTAAGAAATTTAAAATTTAAAAAC
TCGTGTAATGCAGGATTATAGAGTTTTGAGAAGTCGTCCATCTGACATTGCTCAAGACCCTACTAATACAACTTTATATACAATATAA
TTCTTCAAAAAAATATTTTTTTAAAAAAGG

>VfSat16_TA
AAGAAGGAAAGGAAAAATTTGAAATAAAACCCACAAACAAGGATAAGATGGTCTTCGAGACCAAGAGAGGGTACATGAGTCGGTTATGC
AAGGGGAAGGTATTAGCACCCCTCACATTCATCGTACTCGATGGGAACCATTTGGTTCTGTGTGTGTTGTTGAGTGGTAGTGTGATAGTT
TGCAATCTTCTACTTATTAATCTTGAAGGAGAAAGAAGTAGGCTTTTTGTTTTTGTGTTGAGTTCGACAAGATTCCGCATCTTGTGT
CTACGTACTCCCTCGTGCAATGGGAAAGTCGAACTCCGTAGTCTTCTAAAAAAGACCAACGGTGTATTGCTTGAATTTAGAAGAAATGAT
GAGTTAGACATTTCAAACGTTTGAACCTCGACTTGTGTTGCTCGTTCGCGGAAACTAAGTCTTTGTGTTGTTTTCTATTAAAATGGCTA
AAACACATCTCTTTATGAAAAGGTTTTGATGTGCGCGAAGGGCGAAAAACAAGTTTGTGAGTTGAAGTTGTTTTATGTGGGTGATG
AGTACCGAAAAATCGGACTAACATCTACGACTCAAAATCAAGAAATAGAGGATAAATGAAGCTCAAAGAGTAGTCTCAACCCAAAA
GTTATTTTCTTATGAAAAGATGAAGTGAACAAAGTTTACGCTTTATTAGGTTTTGACGAGTCTTAGACAATTTGCTCAACCAAC
GATCTAAATACTCAAATTTATTATGAAAATGTTTTTGAATAATAAGTCGACGTTGGATCGAGGATTTGAAACTTTATTATGAAAGTGCT
TTAGATAGAGAATGGGAGAAAGTCGATTGCGGTTGCAAAAGCAAACTCGACTTATCAAATTAGTTATGAGCTTCGTATGTGGACCAAGAGT
GCACGAGCTAGATTGATTCAATTAAGTGTTCATAGTGAATAAGCGATTAAAAGCAAAAATAAACTATTAAGCTATTACACGTCCAAATG
CAGGGATACACTTGTAAATGATGATTGACAAGTAAATCACACAAGCCATACAAGGTGGCCACACAAATGAAAAGGATAAAGCAAAAAGA
GATGAATTAATCTTAAGTGCCTAGCAAAGTGGGCTAGTCTTCTAGACGACTAATTAGAATAAATTAACCGACTAGGTCTCACTGTAGG
AAAGCCAGGATTAAGCTATGAATGTGTGCAAGTGTGCATGTGTTTCGGTGTGGAGGGTCCAAGAGGAAGCCATGCGAGGTCGTTTGGCA
TGCTTA
GAAATAAATTGACTTATGGTGGAAAATTTGGCTCGCATTGAGCATTAGTTCTTTGAAAGGTTTCGATGATGATGATGAATGATTAAGG
TAAAGCAATAAAGTACAATTAATGATTATTACATCACACGGGATTGGGTACAACCTTTTGAATGGGGATGGAACCAACCAATCAACCA
CACACGAAAGCCTAATTAATAAACAATAACAGACCAATTGAACCAATAATTAATTAATAAATAAATAATTTTATTTAATATAATTT
ATTATTAATTAATTAATTAATTAATAAATAAATTTGCTTAAGATAATTAATTAATTAATAACACACGTTTTTTGATTTTTATGATATAAAAA
AAAAATAAAAAGGAAAGGGACATGGAATAATAAAAACAATGTAGTCCCGCCGAGATTTATTTATTTT

>VfSat17_TA
GGTAATTGTATCACACGCTTTTTATTTTATAAATAAAAAAGTAAGTTTTTCTACTTAACCTAAATTTCTTTTTAAGAAGGAAAGCATA
CATTTGGTATGTTTGGCAGATGATGCAGGGATGAATATCTTACGTTGAACAATTAATAATGGATTGATTTGTTTTCTTCTAATAACTTC
TATGTTGTAATTTTTGAAATGTTTCTTATATAAAGAATGAGGATAAATTAAGCTTTTTTATTAATCATGACATGTCACACATTTGTAG
ATAGGTAACACACAAATTAATGTAATGATATTTTCTTCAAAACCAATCTTTTCTATAATATAGGATGAGAATGGTGTATCTTT
TAGCAATGTATCCATTTAAAACACATTAATGATTATATCTCATTTTGTGAAACCTTATCTTTTTTTGTTCAAGAATCATACTAATTTATC
TAAGAAAAACACTAAGAAGTGGTGGTATCAACAAGTTTTCTAGTGTCCATGTCAATGAAAAAGCACATAAAATGTTATTCTGTATTGATTT
CAACCTTCACTCGCTTATGTTTAGTAATAGTCTATTTTTATACTATTTAATTTTTTTTTAAGTATTCTGGCATCGAATATGTGAAAAATC
TTACAATTTGACTTTAAAACATGTGACTAAAATTAATTTTTATTAATGAACATGCTTTTAAATTTGATAGAGTATGCATCCTCTCAT
CTTTGCCTAAAAGAAATATCAAGAATGAAAGGTTACTATATGAATAAATTA

>VfSat18_TA
AAGAATAAATTTAATAAGAATATAAAAAAGAGTTTTTATTTTTAAGACACAATAGGTCACACAATAAGATTTTTTTTTTAAAAGTCATG
CATATAGAATATATTTAATTTTATGTCAAATTTATTGAAGTTATTGATTTTTAGGATGATAAAAAACAAATTTTATATATGATAACAAT
TTTTAGCTCTTATTTATATGATAAAACTATATATGCTTATAAATAATTTTTTGGAAATAACTAAAAATTTATTTTTCTTGACCATTTAAGTT
TACTAAAAAAAATAACACAATTTCTTTACAATTTAAGGACAAAAACACTAATTTTTCTAAAGACACTAAATGAATTTTCGACTCCTGCCT

ATCAATCATTCTCTCTTTTTTTAACTGCATTTTGTCTTACCTTTTCATTTTACTCATAAATTTCTCTGCAATTCAAACAAATA
TCCAAATTTCTTACAAAGTGATTTCTCAAATTTTTAATTCTCATTCAATTAATCTTATCTTAAATTTGGAATCTAAGATTCATCGGAAGT
ATTCCTTTTGAATCACATTTTATGGTTTTTAGACATAAATTTGTTATTGAATCACTGCAATTCGCTAAGCTACTTTAAATTAGAACAAT
GTGGTTTTGGTTTTGATATGATTAAGGTTGTCAGTTAGATGATGCATTTTAGTTATATCTTAAATGTAATGATATTGAATCTTTGAAGATA
TTGTAATAACTATTATTACCTTACGGGAAAAAGTGACATAAATTTTATAAATAAATGATAACCACTCAAATAGGATTGATATTAATTA
TGTGTGTGATTAGTTGAAAAAAGTGGTTTATTAATTCAACAATATTTCTTTTCTTTACTATATTACTTGTTTTTAAATATGTAGTT
TATTAGAAAGTTTATATAAATTAATTTAGTGAGTATGCACATAAATTTAATAATGTTTAATTTTTAAATATTATAAATGTTCAAACATA
TGTTATGTTTGTATGAACTTGGGATCCAAGAAAAATAGAAAAAGTTAAATAAATATTGTATTTTTGTTGATAAATAAATTTTATTT
ACTATATTTTTCTTTATTACATAACTAAGTAGTAAAAATGATATATTGAACAAAACCTTTAAAAAATTATTATTTTTCT

>VfSat19_TA

TTTTAATATAGATTTTATTACAAAATGACATGTGACCATAATTATTGCCAAAAAATAACATGTGGCTACGGTTGTCATCATGACTTCTTT
TAAATTTATGATAAATAGATGCAATTGTAATAATCTTATAATGTAGTAATATTTTTTACATATATTTTAAAGTTGTAGAAACGCACCATAT
TTGTTTATGCAAAAAAACAATTTCTTGAATATTACCTAACAGATCTTATTTATTGTTACATATTTAATATTGTCATGATCTTATATA
TGTTTACATACTTAATATTGTAATGTGTGAAAGTGAGATGTGGCCGATGAGGGAGAATTCACAACACATTTGTTATTATAGGGATTAG
GAATATATAAGTTATCCTATTGGGCAGTGTATTGAAAAATTGAACATCGTTAGATTATAAATAAATAAATATTAAATATGTTATACTTTTA
TGATGACTTTCTATAAGATTTATATTATAATTATTGTTGTCAAATTTTGTCAATTTCTAAATATTTCTAATTTAATTGAGTGATTTTA
AATATTATTTAATAGAAATTTTTGTAATAACATATAATTATGTTTTTAAATTTTTAAGAGTTGTAATTTGCATATTTAAGTTTAAATAAA
AATCATTTAAATCTTTTTAAAGAGTTCAAACCTATTTATAAATCATTTAGGCTTCTATATAAATAGACGACTTTATATTTGTTTATAAT
AAATTAGTCGATTAATTTGTATATTGAAAGAAAAAGAAAAATATAAAGTTGTTGATTTGTTTTATAAAAAAGCTATAAATAACAATTATA
AATTTTTTGGGTATAAATAACAAATAACCATTCATTTACTTGTGCAGAATATTTACAAGTTGATTGAATTTGAAGTGATGATAATTGT
AATGGTTGAAGCCACTTATAAATCTCAAATGACATAAAAAATAAGTTTAAATTAATTTAATATTTAATTAAGATTCTTGGAAATTAAGCT
GAGGAAAAAATAAGTTACTTGTATTAGTTTATTAAAAATAAATTAATCAATAAATAAATTAATGAACCTTAAAGAAAATGATAA
TTATTAATAATATTAATTTTTTCAATTATAACGCAAAATCTATTAATAAATAAATAAATTTGTCAAAAGAGAAATAAACACAACGTCTT
TTGCCAACAAAACCTATAAGTTTATATAGAAATAGCTGATAAACCATATTATTAATAACAAATAAATTAGTTTATTGAATTTGTTGTA
TTAATAAATAAATTAATGGTTAAGTTAAGTTGATTTTTTAAATAGTTTTTACTATTATTATTATTATTTA

>VfSat20_TA

AACTATATCTTTCTTTAATTGTGTTGGCTAAAATACACTAATCAATTTGTCATTCATTTTTAATTTGTAATTTAATTTTTATTATCTGA
AATCTTTAATTAATAAATAAATAAATAAATTTAATCAATTAATTTTAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
TGGAAGATTAAGACATATATCACATTTTTTATAAAAAGATTCAAATATGTAAGAAAAGAATATGAAATAAATAAAGGAGAAAACATGC
CTTCGATATCTTGCATCTGATTTAAGAATGATTGAACCATATTCATATAGATGTTTCTTTTATTCTTCTATTGCATCCGTTTTTGTCCACA
TTTTTCTTCAAGTCTCTTTCAACCAATAGATTTCACTGTTAATTCCTCTTCATCAAGTACTAAATCAACTCTTGAAGATGGTCGTTTA
TAGATAACTAATCCCTTATTTTTGGCATCTAATTTATCTTTTGTGTTTTTCTTCTTTATATAAGATAGTTTATTATTATATA
GTCTCATTTTTCTGCCAGTCAAGACTTCTTACATGTAATAAATTTCAAATATTTCTCTTTTTCAACAAAAGACTAGATCTTTTCAA
CTTTGCAAAAGGGTTAGCACTTTTATAAAACACATTATTTGTATTATAATTCTTTTCTTCTGATCACAACCTAGAGACAAATATGACAATG
GAGTAATCTTCTGATAACTTTGCAGAGAATTATTTCAATGGCATGTTACCATGATCAATGGTTCAAATTTGATTTTTCTAAAAATGGT
AGAGATATGAAAAGTCCATTATCATCAATAATGGTCGACACTTATATGCTCTTTGACATATGGTTTTATTGCTTCGGAGTTGAAG
GTTTTGGAGTGAAA

>VfSat21_TA

CTTTTAGATTTTTAAACGTCAATGATAGCATTAAAAAACAAGATTTGAGAAAAAGAAAATAAATTTTTGTAATTTGAAAGTAGACGATG
ATTCATGGTGGTGGTAGGAAGTCCATGATATGAGAAAAAACAATAAATTTATGTGTGAGTGGTACATTATATCATTTAGTACAATCC
TTAATCTAATGGATCTTTTCCATGGTTTATCATGAACATTTAGGTGACGACTAAAATTTAATGTCTTTTATCATTATTTTGAATAAA
TATTTAAATTAATAAATTTTTGACTATCCCTTATAAAGTTGAAGATAATTCATGTCAAATGAGTATCAATAAATTTATTATTATTTTACAA
ATTATTTATGCTAATTTTTGGATGAGGGTCAATTTGAATCTCTCATGTCATCAGTGAACAATCAACTTTACCATAAAAATAACAAGTC
TTCATTATATATTTATATACTGTATTAGATTAGATCTTTCCATGCCATCCCTATTTGATTTCTGTAGTGACAAATATGATCACACTAT
TGTAATCTCTTGCAAAATTTGATTTATTGTTTTTGAATATCAATCCCATCAGAACAAGCTAAGGCTCTGTTAGTTCCACCACCATAT
TATTATTTTTATTTACTTTAGACAACAAGTACACGACCTATGATTTTTTTTTGGAATCTAAATCTTTCTTTTATGTTTTTTCAACTATA
CATTATGACGCTTCTATAAATAACAAAAACATATACACTAGTATATTTATTTATTTTTTCTGTTATCTAATTTGCCTCCTCTATTTT
CATTTGATGTAGTTTTTACCCTAAAGCATTAAAAATATAAAAAGAAAATAGATGCCATAATATCAAATTTCTAAACGTATTATGATAACAAA
AATGTCAATTTTTTAAAAACAATATTCAAAAATCATTCAAGATGGATAATGAAATATAAGAGTGACACATTATGAAGTACTTAACATCATT
CAACCACTCACAAAGCTTGATATAATTTCCCAATCCAAA
ATTTTTATCAACAACCTT

>VfSat22_TA

GATTATTAAGTACATCCACCTATCTCTTTAATGCTTTCTGAGTGGGGGAGATTACTAAGTAGACCCACATATCTGTCTATTTGATGTTTT
CTCATATTACAAGTTCAATACGAATGATGTTAAATATTATATGTTTGCATGTTAACACTGCAACATACTTCACTACTGTATATTTCCAG
TTCATTTACTAAAAAATAAATCAATTAATAGTCAAATTTTTTCTCTGTTTATATTTTCAAGTAGACGGAATTTATTTCAATTTAA
TTAAGATTTTCGCTTTACTTCTTATCTAAAAATCATTAAATTTGTTCTGTTAGCATTATTGGTCCCTCCGTTAACTTTTCTGAAAATTTAT
AACTTTTGTAAACATGGCATGCAACTAGGATCTCAGTCGGTAAATATATAAACAATAAATTTGATTTTTATATAAAGCTTGGAGATTGTT
TTCAGCGGTTAAAAACCCCAAAATTTGTTAATGTGTAAAAAAAGAGACAATTTCTCTTTTCAATTAATAAATAAATTTCTCC
TTTCAAATTTCAACGCTCCTTCAAGTATAACTGCATGTAATATATTATACATTAATAACAATTTCTCTCTTTCAAATTAATAAATAAATTT
GGAGCTTTAAATACACCAATACATAATTTCAAACAACACATGCAATAATGAAATTTATTCAATTTGGTAAATTAATAAATAAATTTGTCATCAA
GCAGAACAAGCTTGAGCAGGAGCCTCAACACTTTTATAAATGATTTCTGTTTACAACACTTCAATTAATAAACCAGATTGACATGTTT
CTTTTCTTAAAAACAACAATAAATTAAGTAAACAATAAGTACTACTTTCGCTTGGATTAGTGACAAATAGTGTTCATATTTACCG
AGCATCCAACATTGCAACACTGCATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA
AATTAACTCATAATATATCTAATTTGCTGAAACAATTAATGCAATAAACAAGGTTGCAACCACAACCTTGAACATCTGGTTGAAGGAGAACT
TTTTTAAACACATCAAATTTAAATTTCCGATTTCTTTTCTTCTCATCTTGTGTTGTTTGAACCTATAATCTTCTGCAACAACCCAAAAC
AACATAAACTCATAA
TATCGGAAAAAACCCTTAACCTTAACCTTTTTTGGAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA

CCAAACAGCGTTACCAACCACATCAAGGTAAGTAAAAGCAGGAGGAAGATGTAAAAAGAAAACAAATGAAGATGAAGGATGGGAAGCAGG
TGAAGAGTTTATGGATGAGAATGAAGAGAAAGAGGGTGACGGCTGCTAGGGTCTTGGAAGAAAAGAGAAAAGAAGTTTTTCATAAATATCA
AAAAAACACGTGATACGTTAAAAATCTATCACTGCCACATATGCAATAATTAACGTTGATTCTTGAAATTTAACGAAAATGACTAAAATA
ACTAACGGAAAAACATAAAGAAATAAAATAATAAATTAATTAAGAAATTAAGAAATTAAGAAATTAAGTGAATTAAGTGAATAAGAACAATCAATTTTATAG
AATAAGAATACGTGTTGATTTTTACATTAAAAAAAGTTGGGGAATTTTTCTATTTCAAAAAAGTATTATTAATCTTCATGCTATATTGGC
TAGAATGGTGGAGA

>VfSat23_TA

TTGAGAGATTTTCATGAAGGTTTGAATTATTTAGAATGATAATGGTTCATAAAAAAGACATAATTTTGAATTATGTACATGTCTTATTAAG
TCGGTTAAACGGCCACTTGATTAAACAAGTTTGAACATTTTTTAAATTTCAAATAATTTTTCAAATTTCAAATAGCATCAGGTTTTATTA
AATCGGTTAATCAGGCCTGGCCATAAAAGTGAACGACCTAACTTAAATATTTCTGGCAGCTTTTTAAAAATCAACTATTTTTATGCCTT
TATTTCAAAGATTTTTATGCATGACAATTTGAGAATTTTATATATGAAAATGTATGAACACTTTGAGCATCTAAAGTTTATACATAATGA
ATTATAATTGTTTACCTTAGCATCAAGATCAATTTCTTTACTTCCAAAAATATCCATAAGCTTATGCATTCTTGATTCCAAGCTGTTTCT
TCTTTGACATTTCTTTTTGATAAAATTTGTCTTCTCAAACATAAATTAATAAGATGATGAACATCTTCTTCAACATGATTTGATGTC
AAATTTGATATTAAGTTGATGCTTCTTCAAATCATCTTTCATTCAATGATATTTTTGGAACACTATATCATATGGTGTGATTTTTGA
AGGATCAATCATGATTTGACAATATTAGCACATGATCTTCAAGTACCTACAAAAAATTAGTAATACTTAGGTACCAATTTTCATTGGGTC
CTCTTGGGTTAGATACCTTCTCACCCATACATACTCACCATAAGGAATACCATAATTTCTTACGTTGCAGACATTATAAGTATGGTCTTT
TGCATTACAATAAAAAACAAATAGGTCTAAAAACATGATTCTTTTTATTGACTTAAAAGTTATTTCTATCATAAGGCTTTTTATGATGATTT
ACAACACGTTTTTTCTTTGAATCCTAATTGTTGAATTTCTTAGTAGCCTTTAGGAAGATAGTTGGACTTGTACTAGGTTTGTCAAAATTA
AAAATTCAAGTCCAAATTTATTATTTGAAAATATTTGACTACATGATACATTATCCAAGCTAATTTCCCTTTTTTCATATTTTTCAACGAC
TTGGTTTAATTCCATAATTTTTATTCAAATAAGAACAATTTATGATGCTGAATTTTTTATTAAGTCTAACTCCACTTTTGTGATATTA
ACCTCACTTTCTAGATTTAAATAGTTTTATTTCGATTTAAAAATTTCTAAAAAGTTTAAAAAATCATCATGTAATTTATTAAGGAC
TTTGTAAATTCATCATATGAAGGACTATCATCACTTGAGTTGATGTAAGT