

S2 Fig

A

Repeat Class	Cluster 1		Cluster 2		Cluster 3		Cluster 4	
	OR	p-value	OR	p-value	OR	p-value	OR	p-value
DNA	0,32	5,31E-02	0,91	1,00E+00	1,65	2,34E-01	0,84	8,56E-01
DNA?	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	2,11	3,94E-01	0,00	1,00E+00
LINE	0,67	6,53E-01	0,35	5,09E-01	1,58	3,77E-01	4,83	1,91E-09
LTR	2,13	3,50E-04	1,64	1,20E-01	0,55	2,51E-01	0,37	6,63E-03
rRNA	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	15,50	8,41E-02	0,00	1,00E+00
Satellite	4,26	2,26E-02	2,25	3,77E-01	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
Simple_repeat	0,16	1,46E-03	0,17	4,58E-02	1,05	8,32E-01	0,69	3,38E-01
SINE	0,00	2,58E-01	0,00	1,00E+00	0,93	1,00E+00	0,47	7,19E-01
snRNA	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	3,88	2,48E-01	0,00	1,00E+00
tRNA	0,00	1,69E-01	2,46	1,45E-01	0,00	6,35E-01	0,38	5,13E-01
Unknown	0,00	6,27E-01	1,72	4,56E-01	1,55	4,90E-01	1,58	3,81E-01
Repeat Family	Cluster 1		Cluster 2		Cluster 3		Cluster 4	
Enrichment in Clusters	OR	p-value	OR	p-value	OR	p-value	OR	p-value
acro	24,47	7,82E-02	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
Alu	0,00	4,02E-01	0,00	1,00E+00	1,13	5,97E-01	0,58	1,00E+00
centr	4,08	2,48E-01	8,61	1,30E-01	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
CR1	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	6,20	5,27E-02	0,00	1,00E+00
DNA	0,32	5,31E-02	0,91	1,00E+00	1,65	2,34E-01	0,84	8,56E-01
DNA?	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	2,11	3,94E-01	0,00	1,00E+00
Dong-R4	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	23,64	8,07E-02
ERV1	2,35	1,11E-03	1,59	2,44E-01	0,54	4,65E-01	0,36	4,84E-02
ERVK	0,66	1,00E+00	4,19	4,62E-02	0,00	1,00E+00	0,00	3,98E-01
ERVL	2,02	2,46E-02	1,42	4,10E-01	0,51	5,72E-01	0,52	3,07E-01
ERVL?	0,00	1,00E+00	25,83	5,78E-02	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
ERVL-MaLR	3,06	4,33E-03	0,65	1,00E+00	0,58	1,00E+00	0,30	3,68E-01
Gypsy	3,86	5,69E-02	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
Gypsy?	8,16	3,84E-02	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
hAT	0,67	7,96E-01	1,42	4,77E-01	1,28	7,29E-01	0,87	1,00E+00
hAT-Blackjack	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	5,81	1,79E-01	0,00	1,00E+00
hAT-Charlie	0,72	1,00E+00	1,52	6,43E-01	1,37	6,59E-01	0,70	1,00E+00
hAT-Tip100	1,02	1,00E+00	2,15	3,89E-01	0,00	1,00E+00	1,97	2,91E-01
L1	0,80	1,00E+00	0,42	7,21E-01	0,38	5,08E-01	5,62	1,77E-10
L2	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	11,63	1,04E-01	0,00	1,00E+00
LTR	2,13	3,50E-04	1,64	1,20E-01	0,55	2,51E-01	0,37	6,63E-03
PiggyBac	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	3,94	2,55E-01
rRNA	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	15,50	8,41E-02	0,00	1,00E+00
RTE	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	11,63	1,04E-01	0,00	1,00E+00
Satellite	4,26	2,26E-02	2,25	3,77E-01	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00
Simple_repeat	0,16	1,46E-03	0,17	4,58E-02	1,05	8,32E-01	0,69	3,38E-01
SINE	0,00	2,58E-01	0,00	1,00E+00	0,93	1,00E+00	0,47	7,19E-01
snRNA	0,00	1,00E+00	0,00	1,00E+00	3,88	2,48E-01	0,00	1,00E+00
TcMar	0,00	1,08E-01	0,73	1,00E+00	2,62	8,59E-02	1,00	1,00E+00
TcMar-Tigger	0,00	2,60E-01	0,99	1,00E+00	3,58	3,66E-02	0,91	1,00E+00
tRNA	0,00	1,69E-01	2,46	1,45E-01	0,00	6,35E-01	0,38	5,13E-01
Unknown	0,00	6,27E-01	1,72	4,56E-01	1,55	4,90E-01	1,58	3,81E-01

OR = Odds-Ratio (>1, enriched; <1, depleted); p-value = Fisher exact test
Green = Significantly Enriched
Red = Significantly Depleted
Repeat name in bold = significantly enriched in at least one cluster
Only repeat families that are differentially expressed in one or more clusters are shown

B

Repeat Class	UP-regulated repeats		DOWN-regulated repeats	
	OR	p-value	OR	p-value
DNA	0,7125	0,3233	1,4601	0,1959
SINE	0,2665	0,2530	0,7472	1,0000
LINE	0,6433	0,3101	7,2504	0,0000
LTR	4,6247	0,0000	0,2076	0,0000
Satellite	2,8884	0,0702	0,0000	0,6287
Others	0,1818	0,0000	0,7870	0,4458

OR = Odds-Ratio (>1, enriched; <1, depleted); p-value = Fisher exact test
Green = Significantly Enriched
Red = Significantly Depleted
Repeat name in bold = significantly enriched in at least one group (UP/DOWN)
Only main repeat classes are shown; Others includes SVA, simple repeats, snRNA, and tRNAs