

Comparison of 600-bp sequence amplified by primers VBINS2F (5'-CTCACCCAACCACCTGACAGC-3') and VBINS2R (5'-ATCCGCCCCACTTGGGATT-3'):

PI 499972 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 532501 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 352278 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 115816 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 283887 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PS5 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
CItr 7779 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
CItr 3686 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 113961 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 585017 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 532486 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 532475 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 470732 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 352281 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 349040 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 283889 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 251914 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 61102 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 352282 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 286070 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 115817 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 94749 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG
PI 94748 CTCACCCAACCACCTGACAGCCATGGCTCCGTGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAG

PI 499972 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 532501 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 352278 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 115816 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 283887 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PS5 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
CItr 7779 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
CItr 3686 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 113961 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 585017 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 532486 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 532475 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 470732 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 352281 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 349040 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 283889 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 251914 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 61102 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 352282 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 286070 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 115817 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 94749 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC
PI 94748 CCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAAGGCGCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCC

PI 499972 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 532501 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 352278 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 115816 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT

PI 283887 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PS5 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
CItr 7779 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
CItr 3686 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 113961 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 585017 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 532486 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 532475 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 470732 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 352281 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 349040 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 283889 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 251914 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 61102 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 352282 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 286070 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 115817 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 94749 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT
PI 94748 GTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCGTGGCCTTGTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCT

PI 499972 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 532501 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 352278 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 115816 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 283887 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PS5 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
CItr 7779 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
CItr 3686 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 113961 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 585017 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 532486 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 532475 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 470732 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 352281 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 349040 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 283889 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 251914 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 61102 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 352282 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 286070 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 115817 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 94749 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA
PI 94748 CAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGTCAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGA

PI 499972 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 532501 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 352278 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 115816 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 283887 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PS5 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
CItr 7779 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
CItr 3686 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 113961 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC

PI 585017 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 532486 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 532475 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 470732 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 352281 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 349040 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 283889 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 251914 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 61102 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 352282 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 286070 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 115817 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 94749 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC
PI 94748 CAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTATCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCAC

PI 499972 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 532501 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 352278 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 115816 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 283887 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PS5 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
CItr 7779 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
CItr 3686 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 113961 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 585017 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 532486 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 532475 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 470732 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 352281 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 349040 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 283889 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 251914 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 61102 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 352282 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 286070 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 115817 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 94749 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG
PI 94748 CTGCCCCCTTCCTCCTCCTCTCAGATCTGATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACAAGTG

PI 499972 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 532501 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 352278 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 115816 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 283887 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PS5 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
CItr 7779 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
CItr 3686 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 113961 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 585017 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 532486 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 532475 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 470732 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 352281 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAAACCCTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA

PI 349040 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 283889 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 251914 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 61102 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 352282 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 286070 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 115817 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 94749 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA
PI 94748 GTATCAGAGGTCGGGCGATCTGGATAACCCGTACCGCAAGCCGCGCTACGCCACCAAGCA

PI 499972 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 532501 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 352278 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 115816 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 283887 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PS5 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
CItr 7779 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
CItr 3686 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 113961 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 585017 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 532486 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 532475 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 470732 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 352281 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 349040 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 283889 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 251914 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 61102 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 352282 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 286070 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 115817 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 94749 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA
PI 94748 AGTTACGCAAGCTGCAGCGATGGAGGAGCAATTGGCGGCGCTGGCCAAGGCGGTCAACGA

PI 499972 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 532501 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 352278 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 115816 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 283887 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PS5 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
CItr 7779 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
CItr 3686 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 113961 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 585017 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 532486 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 532475 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 470732 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 352281 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 349040 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 283889 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 251914 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 61102 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
PI 352282 CGGCCGACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG

PI 286070 CGGCCGCACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
 PI 115817 CGGCCGCACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
 PI 94749 CGGCCGCACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG
 PI 94748 CGGCCGCACCGCCAACGAGGCCCGGCTCGAGGCCATCCAGACCTCGCTCGAGTTGTGGCG

 PI 499972 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 532501 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 352278 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 115816 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 283887 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PS5 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 CItr 7779 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 CItr 3686 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 113961 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 585017 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 532486 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 532475 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 470732 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 352281 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 349040 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 283889 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 251914 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 61102 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 352282 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 286070 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 115817 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 94749 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT
 PI 94748 TCCAGCGGTCACCAACCTGCAACAACAACACTCAACGAGCTCCAATCCCAAGTGGGGCGGAT

Comparison of 615-bp sequence amplified by primers VBINS5F (5'-CAACCAGAGGCAATTCTGGACAC-3') and VRNBPR1 (5'-GCCCCATCTCCGCTGGAGAACG-3');

PI 499972 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
CItr 7779 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 352281 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 286070 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 94748 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PS5 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 532501 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 532475 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 470732 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 349040 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 113961 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
CItr 3686 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 585017 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 532486 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 352282 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 352278 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 283889 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 251914 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 115816 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 61102 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 283887 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 94749 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT
PI 115817 CAACCAGAGGCAATTCTGGACACCAAGTTTCATCCGCGTCCGGGGAGAGATGCAACCTCGT

PI 499972 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
CItr 7779 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 352281 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 286070 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 94748 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PS5 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 532501 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 532475 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 470732 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 349040 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 113961 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
CItr 3686 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 585017 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 532486 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 352282 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 352278 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 283889 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 251914 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 115816 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 61102 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 283887 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 94749 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA
PI 115817 TCTTCTGGTACAATGGGGTGCCTGCCGGCGTCGCTCGCCACCTGGGAGGAGCCCGCTGA

PI 499972 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
CItr 7779 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 352281 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 286070 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA

PI 94748 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PS5 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 532501 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 532475 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 470732 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 349040 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 113961 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
CItr 3686 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 585017 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 532486 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 352282 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 352278 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 283889 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 251914 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 115816 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 61102 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 283887 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 94749 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA
PI 115817 ACTGCGTCGTCGCTTTCCAGCAGCATCGGCTTGGGGACAAGCCTCACCTCAAGGGGGGGA

PI 499972 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
CItr 7779 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 352281 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 286070 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 94748 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PS5 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 532501 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 532475 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 470732 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 349040 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 113961 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
CItr 3686 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 585017 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 532486 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 352282 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 352278 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 283889 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 251914 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 115816 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 61102 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 283887 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 94749 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA
PI 115817 GGATGTCACGACTGTCAAGGTGACCTCACCAGCCAACAAGCGGGAAGAGGAACTGGTCAA

PI 499972 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
CItr 7779 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 352281 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 286070 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 94748 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PS5 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 532501 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 532475 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 470732 GCGCCTTGCTGATTTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG

PI 349040 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 113961 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
CItr 3686 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 585017 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 532486 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 352282 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 352278 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 283889 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 251914 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 115816 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 61102 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 283887 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 94749 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG
PI 115817 GGCCTTGCTGATTCGACAGAAGGGCCGACCCGTTAGCAGGCCGCGGTGTCTTGGGTGCG

PI 499972 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
CItr 7779 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 352281 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 286070 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 94748 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PS5 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 532501 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 532475 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 470732 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 349040 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 113961 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
CItr 3686 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 585017 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 532486 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 352282 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 352278 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 283889 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 251914 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 115816 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 61102 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 283887 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 94749 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT
PI 115817 TGGCCTTGTTGGGCCGTATCGAGCCTGCGAGCTCAGGGTTAAGTAAGTGGCTTGGCACCGT

PI 499972 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
CItr 7779 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 352281 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 286070 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 94748 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PS5 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 532501 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 532475 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 470732 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 349040 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 113961 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
CItr 3686 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 585017 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 532486 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA

PI 352282 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 352278 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 283889 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 251914 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 115816 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 61102 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 283887 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 94749 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA
PI 115817 CAAGGGCATCAAATTGTATCTCACTGAATAGACAGAGAGAAGCTGCTCTTCTCCTGGTTA

PI 499972 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
CItr 7779 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 352281 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 286070 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 94748 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PS5 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 532501 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 532475 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 470732 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 349040 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 113961 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
CItr 3686 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 585017 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 532486 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 352282 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 352278 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 283889 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 251914 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 115816 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 61102 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 283887 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 94749 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT
PI 115817 TCCCCTTCCTTCTCCACCTACCTCAATCTCACCTGCCCCCTTCTCCTCCTCTCAGATCT

PI 499972 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
CItr 7779 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 352281 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 286070 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 94748 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PS5 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 532501 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 532475 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 470732 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 349040 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 113961 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
CItr 3686 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 585017 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 532486 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 352282 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 352278 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 283889 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 251914 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 115816 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACA **CTCCG**CCCCCCCCGCCCCCGCCTGCGCCTGTCTG

PI 61102 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACACTCCGCCCCCCCCGCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 283887 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACACTCCGCCCCCCCCGCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 94749 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACACTCCGCCCCCCCCGCCCCGCCTGCGCCTGTCTG
PI 115817 GATCGATTAGGTAGATCGGGCCGTTACACTCCGCCCCCCCCGCCCCGCCTGCGCCTGTCTG

PI 499972 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
CItr 7779 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 352281 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 286070 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 94748 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PS5 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 532501 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 532475 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 470732 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 349040 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 113961 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
CItr 3686 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 585017 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 532486 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 352282 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 352278 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 283889 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 251914 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 115816 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 61102 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 283887 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 94749 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC
PI 115817 GAGTAGCCGTCGCGGTCTGCCGGTGTGGAGGCTTGGGGTGTAGGGTTGGCCCCGTTCTC

PI 499972 CAGCGGAGATGGGGC
CItr 7779 CAGCGGAGATGGGGC
PI 352281 CAGCGGAGATGGGGC
PI 286070 CAGCGGAGATGGGGC
PI 94748 CAGCGGAGATGGGGC
PS5 CAGCGGAGATGGGGC
PI 532501 CAGCGGAGATGGGGC
PI 532475 CAGCGGAGATGGGGC
PI 470732 CAGCGGAGATGGGGC
PI 349040 CAGCGGAGATGGGGC
PI 113961 CAGCGGAGATGGGGC
CItr 3686 CAGCGGAGATGGGGC
PI 585017 CAGCGGAGATGGGGC
PI 532486 CAGCGGAGATGGGGC
PI 352282 CAGCGGAGATGGGGC
PI 352278 CAGCGGAGATGGGGC
PI 283889 CAGCGGAGATGGGGC
PI 251914 CAGCGGAGATGGGGC
PI 115816 CAGCGGAGATGGGGC
PI 61102 CAGCGGAGATGGGGC
PI 283887 CAGCGGAGATGGGGC
PI 94749 CAGCGGAGATGGGGC
PI 115817 CAGCGGAGATGGGGC

Figure S7 Alignment of the sequences contains 5'- and 3'- ends of retrotrans_VRN in PI 94749 and other 22 tetraploid wheat accessions. The two CTCCG motifs are shown in red and highlighted in yellow.