

Supplemental material

Xu et al. *Generation of a complete single gene knockout BAC library of cowpox virus and identification of its essential genes*

Table S1. primers for pACAA and pBRFseR

Primer name	Sequence (5'-3')
pAAfw	GCATGCCGCGTGACGATTTATTCAACAAAGCCACG
pAArv	CGGCATGCGCTAGCGGAGTGTATACTGG
mRFPfw	CCGCAAGGGGTTTCGCGTTGGCCGATTCATTAATGCAGCTGGCACGACGTAGAGCTCTAGCATTAGGTGACAC
mRFPrv	TTAATTGCGTTGCGCTCACTGCCCGCTTTCCAGTCGGGAAACCTGCCTCCGCAGTTTTTACGAGCGA
syn7.5fw	AAGATTGGTCTTTTCGGTGGCTGGGTACCCCTCCCGATCCTAAAAATTGAAAAATTAGATCTATTTATTGCACGGATAGGGATAACAGGGTAATCGATTT
syn7.5rv	GACGTCCTCGGAGGAGGCCATGGTGGCGACCGGTGGATCCGTGCAATAAATAGATCTAATTTTTCAATTTTTAGGATGCCAGTGTTACAACCAATTAACC

Table S2. primers for target BAC muagenesis

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d10	CAATATCAAGTATCAACATATAGGTCATTTTTAAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTAAGTCCTCATAAGTCGTAACCTCTTTAAATATTGGTCCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d12	AAATAAATTAACATAATTAGCGATGATATAATAATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGCTGTCCAATTTGTGGTAGTATCGTCTGAAAAGTAATGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d13	TATTAGTTTTATGGTTATATACATCAACATCATGTGTTGCACGCGATAGCTATCTAATTAG GGATAACAGGGTAATCGATT	GTGCGCTACCAGAACCATTAATTAGATAGCTATCATGCGTGCAACACATGATGTTGATGT GCCAGTGTTACAACCAATTAACC
pBRFseR d14	ATAATACAAAACCTTTGTTATCATAAACTCATCATGATAGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACAATCTGTACTATTAACAGTAATTGTCAATTCAGAAGTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d15	TAAATGACAATACATATATTACTATGTATTAATAGCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTTTCGTGGTTTATCCGGTCCACATGATTGTGTCTCTACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d18	GTATTTATTTTGTGTCGGATATATAAATCATACAACAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GAAAACTCACTAAACACATTTTTATAAAAACGGTAAGAAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d20	ATAACAATACAATATTGAATGTGTTGCTGTTAAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AACAAATATTAGCATAATACCTATCTATAAGATCAGGATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d21	ACATTGAGAAACAGCATAAACACAAAATCCATCAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTGACATCTAATACCAATATAACCATGAAAGCATCTACAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d22	CGTAAACACATAAAAATAAGCGTAACATAAAGACAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATAACACTTTCTTTGATTTAAAGTCTAGAGTCTTTGCAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d23	AAAGTATTTACATTTTTTTCACTGTTTAGTCGCGGATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTTTTGATTGTTGATTCTGTATCTCTAGATAAGTTAGTGCCTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d24	TTGATAAATAAATTTTTCTAGTGATATTTGGCAAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AACGGTTTCATCTTCCTTGATGCCATCACCCAGATGTTCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d26	ACTGTTAAACTTGTCTTAACTCTTAAAGTCTTATTAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATTAECTCCACTTTTTACACCACTAGACGATCCTCCCCAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d28	ATAGACAAAAGTGTATTTCGTATTTTTATTTGAGACCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AGAACACCATTTAGTCATAACGGTAATCCAAAATTTTTAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d29	ACTATTAACACCGTTGGTATTCGTTTATCCATCCAGTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTAATAGAACGTGCATCTACCTTATTAACCTTTACGGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d30	AAACAACGAAAAACATTTTTCATTTTACGTTTATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CACGACCTTTGTTAATATCCACTACAATAGACAGCAGTCCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d31	AAATTGGATGCAGATTCAGTATGTGATCGTAGTAAGTACGAGCCGCGTGACGATTTATTCA	GGACGCGTATTTTTATACGATATAGATCCTGTAAGCGTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d32	TAAAAATGAAAATGGATTTTTATTTTATGCTGTTATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TATAGTACTCCAATTATCTTTACCGATATATTTGCACACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d33	TTTATGTCAGCTACTTTGTATCCGTAGTGATATAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATACACACATGGTTTCTAAATCTATCAAGTGGTGGGGATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d34	ACAATGCATAGGATAACATTTTTACGATAAATAAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACATTGATTAAGAGTGTCCATCCAGTACCTGTACATTTAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d35	TGTCCAATAATAAAAAGTCATGCTATTGTAGGAATTGTTTTATAAAAATCATTTTCGACATAG GGATAACAGGGTAATCGATT	GGAAATTTAAAAAGGAATTAATGTCGAAATGATTTTTATAAAAACAATTCCTACAATAGCAG CCAGTGTTACAACCAATTAACC
pBRFseR d36	TTTGATGATCTAATGATTGATCTATATGGTAAAAATAATGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTACAATCATCCGGATTTCTTCTACGATCTCACTAACTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d37	AAAATAGTTATTAACATAAATAGTTAAATTAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTTCCACCAATGTCTCTAGCCACTTTGGCACTAATAGCGATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d38	ATAACATAAAAATAATATATTTTTTTAGAAATTCGATTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACAGAATAGCGTTTACGTATCCACCATAGTATCAATCGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d40	TTGTCTTATTGCTAATTGCATCGTACTATTGTGTAAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAACTCCCTCAGCCGCCGTACAAATCTCTGATCCGTATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d42	ACATAAAAATAAGGTAATTAATAACCATAAAAATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTCTGTAAATGCTGGACCCAGATCTTTTTTCTCAAATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d43	CATAATTTTTATCCCAATTTACGAGCCCGTTAACGAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTTCCCTACAAGTTTATCCCTATATTTAAAATATCTATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d44	ATAGAGTGAAGTGATATTTTTTTTTAAACAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAATACCAATTCCTTGACCTGAGTTAGTGATCTCCAATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d45	ACGAACTGTTAATATTGATAGTTATATAACGTGAATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GATTGACCAATGGATCGTATTGGTATTTATAAACTTCATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d46+47	GAGGAAGGAGACGGATACTGTCTTTTGTGAGATAGTCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATGGACTTCTGTGAGATTGATGTAGTGGTCTCCTTCGCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d48	GAGGAGCTCAAGGGTTTGGATCAACTGGACTTAGATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATTGAATTGATGACATAGTGTTATAACGCGTAATTATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d49	GGGATGGTAAATAATTTTGAATAAAATATTAGTTTTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACCTAGGAGCTATTCTACCATAGCAGAACTTAGGCATGGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d50	CAATAGCAGTTTATTATCCACTATGATCAATTCTGGATTATATTGGCATTATGTTTCTTTAG GGATAACAGGGTAATCGATTT	TCTCTAGATGTTGACTTTTAAAGAAACATAAATGCCAATATAATCCAGAATTGATCATAGG CCAGTGTTACAACCAATTAACC
pBRFseR d51	TATAAAGATCCAAATACAGTCATATAGATGATAACTGAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTCGAAAAAATTAGTTTTTCTTCCAATGATATATTTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d52	TAAATTGAAATCAAAACATGTATTAAGCCGCATCAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TACCATTCAAATCAATGATATTAGCCTTTACAGATATATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d53	GATAGAGTCTGTATATTTCTAAAAGTTTTTATAAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GCACCTCATCAACCGGTAATAGACTATCGGACTCTTCTATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d54	AATCAGTATATTATAAATTGAAAAATGAATTAGTTTAAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTATATCCAATGTATTTATGTCTGATTTTTCTTCATTATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d55	GGTATAAAAAATAGTACTCCATCTACGCAATCGCGATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GATTATATGATATAAATTCGTGGATAATCATTCTTAAGACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d56	AGAGACATTTTCTCAGACTGGATAAATGGCGGAAACTAAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	GATAGCTCTTCTATCCTTTTCCGGAAGCAATGAAATCACTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d57+58	GACTTTCGTTTGAAATTGGGGCTTTTTGTACAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTCGTAGTTAGTTCTCTTTTCATGTTTCGAAAAAGTAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d59	GAAAAACAATATTATTTTTATCGTTGGTTGTACACCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATCTCTATCTAATACAGCATCCAACCTTGATGTCGGGAACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d60	TTAAAAATAGAAAATAGAGACGTTATAGAACGCCATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTCGATAAATAGAGAAGATATATCGTTGGTAGGATAATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d61	TGATAGAACAGGATGTATAAGTTTTATGTTAACTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AACTATTATTTTAAACCCCTTTTTTCAGATGCCTCTTTTAGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d62	AGTGTATTCTGAAGAATTGGGTATTAATACTGATTTAAACGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAACATCACAACCTAACTCAGTTAATATATTAAGAAGTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d63	TTGCTCCTCCTTGATTCTAGTATCCTCTTTATTTTCTGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATAAGTTTAAAGTAAAGCTAGAGAGTGGTTTTTAAATGGTGCCTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d64	GAACAAAATGGATATTCTAGAAAAAAATGAAACGTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATACAATAGTTCAGATAATGTAAAATCATGATTCCGTATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d65	TATTCTAAATATGAAAGCGGTGATTGTGACTAGCGTAGCAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAAACTCACCGATAATTTTTTATTGCATGTTTTCATATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d66	AATGAATTCTCATTTTTGCATCTGCTCATACTCCGTTTTATGCCGCGTGACGATTTATTCA	TCAAAAGTCTCGACGCCACGTTGTGCGATTAGCAGCAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d67	TATTAGACAATAATCAGAGTTTTAAATCCTCAAAATGAATGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTTTTGCCTTGCTATTACCGCGACGTTTCATAGAATTTAGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d68	ATTTTACTACTATTAACGCGACTAGTATTCTCTAAAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TATCTAAGAAACGGATAGCGTCCCTAGGACGAACTACTGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d69	AGTTTTATTACTGGTTTTGCGTCATTTCTCTCTAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAGCCGGAATAACATCATCGAAAGACTTATGATCCTCTCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d70	AATATAAATGATCAAAGTTAATACATAAGTGTATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AGCGAAGGAATCTTTTTCGGTACCGCTAGTACCCTTAATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d71	ATAATTATGGTGTGGTGTGTACGGCCACAATTTTATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACGGGGAGAAGATCTTGTTGTTTTGCTCATTGGATGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d72	GTATAAATAGATAAGTATTTACTCTCTTCTATAAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGAAGTCTGTTTTCTTAAATAGTTTTAAAAAATGATTTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d73	CAAATATACATATTA AAAATTCACACATTTTTGATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGCGGAGATTGTTAAAGTTTAGGGTAGAGAGTTGTTCTATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d74	TTACATAGTTGATAAAAAAGCGGTAGGATATAAATATTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTTTCTTCATATACGGGAATAGGACCTTTATATAGAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d75	TTGGTTCGAAAAGTCGGGGTGA AACAGATTTTTATATCTGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTTTGCCTTTAGCGTCCGTAGTATCGTCACCGATGAACGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d76	CAAACATTGGGGAAGAGCCGTATGGACCATTATTTTTATAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGATGAAAAAATAATAAATAAATTCAGATCATCGCTAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d77	ATTTCAATAATATTGGACGATATAAATGGAACCTGTTAATGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATAACGGCGTGATTATTTTTTGGTATAATTCTACACGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d78	AAATACTGAAAAACAATACTTAATCATGTCGGCGACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GAGAATCAGAATCCTTTTTGATGATAGTGGATCTCAATGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d79	ATAAGTCGAGATAGTTTTATATCACTTAAATATTA AAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAATTTGTTCAAATAGTACAGCAATTCATTTTCAGGTCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d80	GATATATTTGTATTTAAAAGTTGTTTGGTGAACCTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACTATTAATAAGACTGATAAGGATTCCTCCATAATTGCACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d81	AGATAGCGATAAAGAAAAGCCAATATTCAATGTATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAATTTCTATAAAGTCTGTCAAATCATCTTCCGGAGAACC CGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d82	TCATTATATTACAAAGTACAATTATTTAGGTTTAATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATCTGAGAATGGATGATTCTCCCGCTGAAACATATTCTACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d83	GAAAAGTTAAATAATTTTTTTTACTACACCGACAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTCCCCAACATCGTCTAATCCAGGACATTCGTCAGGACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d84	TTTGTCACATATTCCTTGATCTAATTTTTAGATATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTTGAAAAATCGTTACGGCTCGATTAACCTTAATGATTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d85	ACTACAAAATTAATAGAATAGTAGACGACGATGAATAACGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATTCTAACGGATGATGTTCTACCTATTTTCATCCGATAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d86	ACTAGGATTTACCAATTTATTATGTCATATATATTCCTAGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATTACACATTTCCAATGAGACAAAATAACAAAATCCAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d87	TTCACAAGATGAATTCAGTAACATGAGCAAAACGGAACGTTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	ATTGATTTCTGTATTTGTTATACATTTTAGAAAATAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d88	TACGAACATTACTTCCTATTTTACTCCTTAGTAAATGATCGCCGCGTGACGATTTATTCA	TCTTGACAAAAATTACGATATTCGATCCCGATATCCTTTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d89	TATTTCTTATTATTTTACATATTATCCTACCAATAAACTTGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTTTTTGCCATTAAGTGACATTATAATTTTACCAATATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d90	TTCCTTATGTAGAGGATTTGAAATATCTTACGATGACTTATGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	CTACCTTTTTATTTGTTTATATGCGACGTTGTATACGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d91	AAATGTCAGTGAGGCGAGTAGAAGAATTAATAATCCGAGATTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	TTTTGGTGAAATCCAAGGATTTAATAATGTCCACAAATGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d92	ATTAGATGATAATTTATACAAAGTATACAATGGAATATTTTACGATTTATTCAACAAAGCCAC	CCGAGGGAACAAATTTAAACAGATGAGTTAAGTTTTTATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d93	AGTGATAATATAATAAATATAGGTTACTAGATTAATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACATCCTTTAATGATTTTTTTTCGTATAATCAATTTATATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d94	AACTTAACAGTGCAACCTCTATTGGATATAAACTAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGGCATTTTTATAACATTCAGCTACCAATTTAAACAATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d95	TTTTGACATAGTTTCAAATGTATAGTGCAATCTGTATTGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATATGTGGTATTCACTATATCAGTTTTAACTGGTAGTTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d96+97	GCGCCAAATTTGGCATATTTTTTCAGAGTTCAGTGAAGAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	GATCTATACTTAGACAAATAGTAGTATCTGTCTAATAGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d98	ATGGCGTTTTTAGACTAATACTTTCAACGAGATAAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATACGATTGTCTTAATAATGCCGAAAGATTACCGGGTCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d99	TCTCTTGTAATATGGATACTAATTGTAGCTATTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAGTGTTTACACTCGTTTGAATGTTTAAACGCGCGAGTAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d100	AACTGAAAATATATTGATAATATTTAATAGATTAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATAGTTAACGCGATGACTAGCGCCACCAACCAACAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d101	TACAAACGATAATATATACAAAAATCCAACCAACGAGGTGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATAGATAGAATACTCAATACATCTGTACAAATGTTAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d102	GGTTATTGCCGGCGCAAAATCCAATTTCCAAGATCTATGTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	GTTTTATTTTTATTGGTGAATCCGTAATGGCATTCAATCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d103	TCTAACAGATATTCGACAAAAGGATTGATTACTATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GGCGTAATCTATCAATAGGATCGGGTATTTTTCGTTTAGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d104	TCACAACCAGTATCTCTTAACGATGTTCTTCGCAGATGATGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTATTGCGGTGGTAGCTAGAGCTGATTTCTTTTTGAATCGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d106	AATAAACATTGATTAATTTTAAATAAATACTTAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAGTAGTAGGAAATGTTTTATTGCAGTATACGGTCTCAGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d107	AACAGAAATAGCAAGAGATCCGTACGCGGTAATAAATAGAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAGGACGATAGAGAACTTTGACAACTATTTCCGTCTCTAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d108	AAAAATAATAGTTATATTTACTTTAAATTTTTATCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACTATCTGTAATGGAAACGTTTCCAATGAAATGGTACAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d109	TACCTTCGGTTCTTTAAAAGAACTGACTTGATAAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GGGCTCCATGAATATCGTGTGGAGTAAACGTCGCGGATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d110	AACTGGAGATATGCACAGAGCCAAATCTCCACTATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATAAAAAATATAGCATAGGCGATGACTCCTTATTTTTAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d111	CGTTAGAGAAAAAGGCTATAGTTGGCGTACAAGCAGCCAAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTGTTGAGCAGATGGATCGACCTTTGCCGCTTTTTAATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d112	TATTAGAGAGTTGTATATGATTAATTTCAATAACTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTAAATGTCTAGCGATATTTCTTTTCGTTTCTCTGTACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d113	CATCATAAACCAATTTCTAGTTGTTTGAACCTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAAAATTATTAATTTTGTAGTAAATAGTTAGCGTCAACTTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d114	ATTTCAATTATCGCGATATCCGTTAAGTTTGTATCGTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATATTCTTCTACAACACTTCTTCTTCCACTTCTTCCCTTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d115	AGTTGTTTCGTAATAAAAGTTAAAACCTGTAAGAAGTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTGTTAATAAACCTACTGTTTCATTCTCCTTAAGATATTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d117+116	ATATAGATCTTTACACAAATAATTACAAGACCGATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTGAAAAAATGGTATTGTTGGATGGCGTTTAAATATAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d118	AATGAAAAAACTAGTCGTTTATAATAAAACACGATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAAAGATAGACGACTCTCCAAAGATAATTGGTTCCTGGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d119+119A	GTTTATGCTTTTTCTAAGCGGTAATAATAATATGGTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AGAACTTCTTCGAGAGAAATATATAGTATTAGAAAGAAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d120	AACAAAATTAAGGAGCATGATTTTTTTCTGAATATATTTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	GTTCTAATAAAATTTTTAAAAATGAATCTTGATTAATAATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d121	TACTAGATACGTATAAAAAGGTATCTGATTTGATATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGACTCAAACGGTACACCTGTTCCATCTCTAGGATACGGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d122	TATTAATGCTTTAGTGAAATTTAACTTGTGTTCTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CCAATCGTCGTTGTAGAGAAAAGTAAACTATCGTTATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d123	TATGCTCATATATTATAGAAGATACACATATCTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTCCTTATCCTGTTCCCTGAAATAACGTATCTAAATTATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d124	CTTCTCCATAAACTGATGAGATATATAAAGAAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AACGTGATAATACGCGTAGGTTATTACACACGGAACGTTTGCCTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d125	ATCTCCTATTAATATAGAAACTAAAAAAGCAATTTCTGACGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTTATCCAATGAACCAGATTAATCTCTCCAGAGTATTTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d126	TGAAACTCCTAGAGAATTAATATCTATTAACGAATAAAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TATGTGATAAATCCTCCAACGATTGATTAATAAACATGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d127	TGTCTTATATTTATAATATGCTAGTTAATAGTAAATGAACGCCGCGTGACGATTTATTCA	AATAATTGGAATAATTCAGAAATAATCGTTTCTTTCTAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d128	GTGATTTTAAACATAGTTATTACTTATCACTCATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTGTCTTTTCAGGAAAGCTATCGAACGTAACGTAAGTAGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d129+130	TAACATAATAATGAAAACAACTATAGAGTTGTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTAAATTTTCATAGACTTTATCTAGATCGCTTTCTGGTAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d131	GGAGTTTATTGTAAGCTTTTTCCATTTTAAATAGAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGAATCTTCTATTCTTTAACTTCTGGAAGTTCCAACTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d132	GCTCATTAGAAGTATAAAAAATAGTTCAGTAATTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATTTTGGCTCTTCTAAGAGCTACGTGAGACTTAACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d133	AAATATTGGACGACGAGATACGTAGAGTGTTAACATGAATGCCGCGTGACGATTTATTCA	AGTTTGCATCTACATCATCCGTAGATATTTGATTTTTTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d134	GACATATTACAGAACTATTTTAGATTATGATTTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AATAAGTATCGCCCTAATATTGTTACCGTCTCCGCCAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d135	AAATCACGCTTTTCGAGTAAAACTACGAATATAAATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACGCGTTCTCTAGCGCAGGAAGTTTAAATACCGAATAGTGCAGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d136	CTCTACACCAAAGTCGTCATCTATTATTCTGAAGAAAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTGGTGTGTCGCTTTTTGATCTTTTAAATTTAGAGACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d137	CGACTATGAATCCGATGATCTCACCGAATACGAGGATGATGCCGCGTGACGATTTATTCA	CCTCTATCTCTGTATAATTACATGTAGCATATTTTGCTTGCCTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d138	CACAAATAAATTAACAACCTAAATCTGTAATAAATAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGTTCTCTGTAGTCGACGCTCTCAAATGGGAAACAATCTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d139	ATATATAGTAAGTCCGCAATTGGTATTACAAGTGGGTAAGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CCAAATGTACCTTATACGTTATATCTCCCTTGATGCGTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d140	TAATTTGGAGGCCCTCCGTAGAAGTACGGGAGGTAATATAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TACTATGTTCAATTATAGTTCTGGAAAGAATGCTTCAATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d141	GACAGATGGTACTCTGTCTCTTTTGTGATGAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATATACAACAATGCTATACCTAATACTAAATACATTATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d142	TCAATTAGAGGACTCTGAATATCTATTTCTGATAGTTTCTGCCGCGTGACGATTTATTCA	GGAAGAATCTCATGAATCCTGTCTCGGAAAGTCTATATGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d143	AGAAGATAATTATCCATCTAACAAAAATTATGAATAAATGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	TAGATCGTTGATTTCTAAGATTAACCACTTCATCTCTAGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d144	AATCTTCAGCATAAATAAAAAATTTTTAGCTTCTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGATGTAGAAGACGAGGATTTGATTTGGTTTACACGTAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d145	TTGCATACTTGATCAATAGTGAAGTTATTGTCAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GACTTGGATTCGGATTTGTGAGTTCTTGATCTTATTATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d146	TTTGTTCATTCGGCGATTTAAAATTTTTATTAGTTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTAGCATTCCGACTGTGATAATAATACCAAGTATAACGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d147	AATATCCCACCACCTTTTCGCTAGTAAATGATAAGTAATGCCGCGTGACGATTTATTCA	CAATAGTTTGTACTGCAAAAATAATATCTATTTTTGTTTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d148	AAAATTAACAAATGATATAAATGTTTCGTAGACGATAATGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTTAAACCCTTCCCTAAACGTGAATGATCTATTATCTGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d149	CAACATTTAACAGTTTAAATACTGACGATTATTAAGAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTGTTTAGCAAATTCAGGAATAAACTACTACAATGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d150	AAATAATGATGTTAGAACGTTACTCGGTTTGATTTTGTCTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	AAACAAAATAATGTAAGAAATAATATTAATATCTGTGAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d151	GGGATCATCCTTAAGTTTCTAATACTAAGGGATTTACTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	ATCCGACTGCCTCTACCTGTGTCTTCCATTGATGTATTAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d152+152A	TACCTAAATGGATAGCACCAATGTGCGTTCGGAATGAAGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTATTAATAGAATATTTAACTCGCAAATCGTTAAGAAGGCCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d153	CCTATGTTATTTTATTCTTATTTTTAATATTATAGTACCTGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTATCGCAATATAGTGATCGACATTTTTATTATTATTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d154	TTATTATGATGAGGTAACAAATAAACCGTTAATATTGATTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	AAATATATTAACGGAGACTGATTTTTGATATAGCGTCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d155	AATGCCGTTACCGATGTCAAAAAAGATTATTCGAGTGAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGACAGATCTCTTTTTTCGATCTCTATATGAATTACCAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d156	TACATAAAAAAATGTAATAACGTTAGTAACGCCATTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGGATACGTATTCTGATTAATAATGTGTTAGTAAGTTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d157	AATCGGTAGATCGTCTAAAAGAATTGCTTCTAAAATGAAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATAACTACTTATTTTAGTGATGGATATACCCTCTTTGGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d158	TTGTAGTTAAGTTTTGAATAAAATTTTTTATAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTCCAATAGATTAATTAGAGCAGCAGGAATACCAACAAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d159	TACTGATGCTCAACATATACATTTTGGATTTAGAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AGGGTGAGGCTCCGGTATCGGAGTGGGTTTTGGATTATAAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d161	TTTAATTAAGTATATTCAAAAAATGAGTTATATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAAATACTATATATAAAATATATTGACCCACGTTAGTAATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d162	TAACGCAGAGTGTGAGTTTCTAAAATCTGACTTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CCTAAATAGAACTTCATCGTTGCGTTTACAACACTTTTCGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d163	GTGTAAAAAATTTTGTGAGCTTCTAATAGATTATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATTTCTGGATAAGTAACACATCTCCACTTTTGCTTACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d164	CATGCCGCATCCTCGGAAGAGAATTCAATCGTCGTTGAAGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATGTAACAAAGTTTCTTTAACTCGGTCGGTTTATCCACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d165	AATAAGATACAAACACAAATGTTTATATAATTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACATCGATATCTTTATTATTAGATAAAATTTATCAATAAATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d166	CAAACGTTCAAAAAAGTCGACGGCGGACATTTTAAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAATTGCTCCACTACTTGTCACTCCATGATATGATAAATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d167	CCAAGAAAAACAGTTTTCAAGAGAAAATTTATAAAATGTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	TTGTGCAACAGCAATACATTTTTCTATGTTACTTTTAGTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d168	GATTGGTCTATGTATTAGAATATCTATGGTTATTTCACTAGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTTAGCATCCGAGAATGACTTGTAGTCTGAATGGAATATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d169	AAACAATGAACTAATATTTATTTTTGTACATAAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TCTAGCTCGTAATTTACGACTGATAAACTGCATTATCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d170+171	ATATTTTATATCCCGTACATCTATTTGGACAGTTTTTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GAAATAATAATAGGCCCTTAAACGAACGCCGCCATGGACGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d172	ATATTGAACTAGTAGTACGTATATTGAGCAATCAGAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TCTCATTCTAGAAATATTATCTACGTCATTATTTTGTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d173	TATTTAGTATTAATTGCTGCCGTCGCATTGTACAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TCCTCCGACAGAACTAATACAGAGTATAATAGTCGATAGTGCCTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d174	CAAATGAAAAAAGCTGTTACTAAATACTATTCAGAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAGTCTGCTTTCCGTCACGCAAAAGACTATTACTAGGCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d175	ATTGGACAACCATGATATTTTAACTTATAATAAACTTCTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	AAAACACTTTAGTAATTATAAGAAATATAGATGGTAACGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d176	CGAATGGCATAAGTTTGAACGAGTGAAGAAATAATTTCTGCCGCGTGACGATTTATTCA	GCTCTTTTGATAAGGAGCGTATCCCTACCTCTATGTTTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d177	ACTTAAATGTAATCTTATCGAGTACACACAACAATGAACGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACGTCTTCTCCAGGTTTTTTCGATCAGTAGATAAATGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d178	AACACTAATTTTCAATTACGATAACAATATTGCAGAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AAGAAAACAGTTTAAATAGATCAACAGAAATTTAATCCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d179	TAGATGTCTTATTAACAAACATATAATAAATAACAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ACGTTCTATACACATCACGTCTGGATGTTGTTGGCTTACCAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d180	AATGAAAAGTAATATTCATGTGTAGTGTCAATTTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATGTGTAAAAAAGACATTATCATCTAATTCATCTACGGTTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d181	TATACGTGTTTAAAAAATAAAATGAACTCTTAATTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AATACTTATTTTATTCGTAGATCACAGAACTCTCTACATCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d182	CGGATTTCTAGGCAGGCATATAGTAAAACTTTTAATTAGTGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGATGAATGGATCACCGTGTTTATTTGGTCCTATTGCTTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d183	TGGAAAAGATAAAGTTTTAGGATCAGTTATTGGATTAATAATGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	TATCTTTTCATTTATGAAAGAAATACCAATGACTCCACACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d184	ATAATACATTTTCTTACAATTAATGAGAATGGCGTTTGATGCCGCGTGACGATTTATTCA	CTAAAATCAGTTTAAAACATACTTATTATACAAGTAAGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d185	CTTTAGAGAAAAGTCACGTGCAACCATCCAAAGATTTTCATGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	CATTGTCGCTTATATTGATGATGTCGAATTCCTAATATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d186	TATTATACGCATAAATTGTAATAAATATGTTAGGTTTACGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGGGTTTAGGCAATCCAGATTCATAACTCTTACTCAGAGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d187	ACATTTTTTATAAATAGATGTTAGTACAGTGTTAGAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGAGTACTTCGGCATACTAGTCTTAAAATCTGGATTATTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d188	TTGTGAAAATATTTAAAAAAAATACTTTTTTATTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAATAGTGTCTCCTATATATCCGTATCCTAAATCTTGTAGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d189	TGAAAATTTAAAATAACACTATTTAGTTGGTGGTCGCCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TCTGGATAGTCTGGATACATTTCTTTTTATATATTGATTTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d190	TAAACTAGTCTATTTCCATACTATTTTATGTGATCACCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTTAAAGAGTCGTCCATATTTTATTCTGAGGCCAATAGAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d191	TTTTTTTATTGTAGTATTATATGATAATATCAAACGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GGTATATGTATGAGGTGGGCAGCGTTCACATTTTGTGTTAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d193	TTTTTCCAATGGATATTTATGTTAATAGGTTTCGCATTTAGTTATGCATGATGACGCTGTTAG GGATAACAGGGTAATCGATTT	ATATAATTTATAATACACTTACAGCGTCATCATGCATAACTAAATGCGAACCTATTAACCGC CAGTGTTACAACCAATTAACC
pBRFseR d194	TAATTTTGTAAAATAAATCACTTTTTATACACTAATATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AGTATTCTTCATATTCTACTTTATCAGTGGTGTCAATTTGTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d195	AAAACAGAAAACAAAGTCTAGATTTTGACTTACATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAAGACTTCTAACGCCATCGATGTTTAGATCCATCACACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d196	TTTAAAATGGTATTTTCATTGACGATAGATCACACATTATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TATAACTCTACGTGCTTTATATGGCGAGTTTTTTCCATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d197	CTTAGTTATTATCACTCTCGTGTGTACAACCGAAAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GATTGGATCTCCAATTTGTAGATATTCATTGCACTCAAACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d199	CGACAGTGTATACTATTTTAACTCATAAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GTTTTATCATATAGTTCCAGAGACATAATCAGAACTGTGCAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d200	CAAAAAGATTAAGAATTGTAGCTAGAATCAATTGAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CATTAGCTAGAATTATGGATACGCTATTAATTATGCATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d201	TATTTCAATATACTAGTTAAAATTTAAGATTTTTAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGTGTCCTCTGCGTTGAATAGTAGACGAGCCAATGGTATAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d202	TTATCACTTCAACGACAATAGTCAAATAACAGCCAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGAATGTGAAGTTAGCAGTATACAACAAGTAGATATCACAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d203	ACGCTGGTTACCGCTATTAGCTCTAACCATTTTCAGGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TGGATTGGGCTCTTACATTGATCATGAACGACTACTCTGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d204	CCATGCACCATCATACTTTCCACATATCCGATGTCCTTAAGAATCCATTCTAGAATTCATA GGGATAACAGGGTAATCGATTT	TAGTTCTTACAATTAGAGATTGAATCTAGAATGGATTCTTAAGGACATCGGATATGTGGG CCAGTGTTACAACCAATTAACC
pBRFseR d205	GTATCTCGCCCTATAGTTTTATTGATTACTACTAAACATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TATAACTCTTTATCAATGGAATCACTATCACTACTGGTAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d206	ACAAAACATAAAAACAACCTGTTATTACATAGCAAGCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	GGGTAAATCCTCTAGAGTGTATAAACTCTAACGTGTTTATGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d207	AGACTATCTCTATCGTCACACAACAAAATCGATTGCCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATGATTCTTTTACAGATGCGTGATTAATGCCTCGCCGTAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d208	AGCGAGGGTCTGTTATTCTTCCAATTGCAATTGGTAAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AACGGATGATTCTACACAATCCTTGACATCATCCACGGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d209	TCCCAGAAACAACTTTTTTACCCACTATAAAATAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TTACGTTACTAGCAATAAATGCATTAATTGGGACACACGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d210	TATGTAATATGATCCTAAAATAACACGGATTGTAAGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	AACTAATTCTATATTGTTATATATTTTACAATTGGTTATGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d212	TCCACCTACCAAAGTATAGTTGATTTTTATCACGCGATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TAGGAGGACTTTGCACTGAATGGCTCTCCTAGAGCGGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d214+215 (kelch)	TCATACTCATTTATTCTATTATTTTAGTAGATGGGTAGTTCAATATTATAATCTTGATTAGG GATAACAGGGTAATCGATTT	TCTTATATAACACTAATTACATCAAGATTATAATATTGAAACTACCCATCTACTAAATATGC CAGTGTTACAACCAATTAACC

knockout BAC	mutagenesis primer fw (5'-3')	mutagenesis primer rv (5'-3')
pBRFseR d216	CAAGTATGAATACGGAACACAAACATAAACTGAAGTTTAATTAATTTATTTATGAATATATT AGGGATAACAGGGTAATCGATTT	CGATACCGAAACGATATATAATATATATATTCATAAAATAAATTTAATTAACCTTCAGTTTATGT GCCAGTGTTACAACCAATTAACC
pBRFseR d217	AGAACTAATCTTAAACACACGGATGAAAATGTTTTGATTTGACGATTTATTCAACAAAGCCAC	TGTCTGTATATGTAAGATGTTTAGAAAATGGATATTTCCAGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d218	ATTAACAATATCGTTATTATATAAGTAATATCAAAAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	TATCTCCAGACCATCAGGTGTGGATAGTACGTTGATAGTCGCGTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d219	CTACAATTATTGACGGGTTTGTATGACCGGCAACCATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	ATGGAGTAAGTGTGGTAGTTCTTCCGTGGAATCAATAGTGCCTAATGCTCTGCCAGTGT
pBRFseR d221	CCATCTAAACATTATTATAAATTTAACTAGATATTAATGGCCGCGTGACGATTTATTCA	CGTGGGAATATGATTAGGAATGGATGTAAAGGTGCCATCTGCGTAATGCTCTGCCAGTGT

Table S3. Enzymes for RFLP, primers for Sequencing and verification results.

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d10	HindIII	XhoI	+*	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	CGGGTTATAAGATGGAACAATG	554	+
pBRFseR d12	HindIII	XhoI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	GCAATTATCGCGTATAACGG	490	+
pBRFseR d13	HindIII	XhoI	+	+	CCAAGATGTGTACGCTGAATATAG	TGAAAGTATCCATGTTCCATCG	581	+
pBRFseR d14	HindIII	NruI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	CTTACTGATGAAGCGTGAGTGAG	555	+
pBRFseR d15	XhoI	NruI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	AAGAGGACATAATCACACATAGGG	495	+
pBRFseR d18	XhoI	PvuI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	TGTATGGAATGATGGCGTTG	682	+
pBRFseR d20	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CGTAACTAATAAGACAATGGATATTTACG	1894	+
pBRFseR d21	HindIII	XhoI	+	+	TCATCACTGTCGCTATCATTATTGC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	815	+
pBRFseR d22	HindIII	DralI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTTCTAGTGATATTTGGCAAGAT	1956	+
pBRFseR d23	HindIII	DralI	+	+	AATGTCGATGAAATATCTGATGTTGT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2239	+
pBRFseR d24	HindIII	XhoI	+	+	CTTCTATTCAGTCAAATGTTTGATTAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2234	+
pBRFseR d26	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCCACGATCATGATTAACGATAA	2238	+
pBRFseR d28	HindIII	NruI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	TTAACACCGTTGGTATTCGTTTA	560	+
pBRFseR d29	HindIII	XhoI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	CATTTTTATTGTTTACGTTTATCATGA	780	+
pBRFseR d30	NcoI	XhoI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	CAATTTCTAAAATGGATGCAGA	472	+
pBRFseR d31	HindIII	XhoI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	CATCAATCTCAATTATGAATAGTATTGTGTTA	554	+
pBRFseR d32	NcoI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTACTTTGTATCCGTAGTGATATAAAAAT	1176	+
pBRFseR d33	HindIII	XhoI	+	+	GTAAGCAGACAGTTTTATTGTTTCATG	GGATAAATAAATATGAAGGTGGAGAG	984	+
pBRFseR d34	HindIII	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	AATTACTTATAGTACTTCAAGAATGGAAAG	1600	+
pBRFseR d35	HindIII	XhoI	+	+	TGACGGAATAGTACAGCATGATAG	CTAGACAAGATGACTGCGGATAT	515	+
pBRFseR d36	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CGAAGTATTCGATGATTATTTTAAC	1000	+
pBRFseR d37	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CGAAGTATTCGATGATTATTTTAAC	700	+
pBRFseR d38	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTTGACATAAAGAAGTAAGTTATGATATTTG	1500	+
pBRFseR d40	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACACTAATTAGCGTCTCGTTTCA	1000	+
pBRFseR d42	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CATAATTTTATCCCAATTTACGAG	465	+
pBRFseR d43	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTTGATTTTAAATAGAGTGAAGTGATATTAT	1536	+
pBRFseR d44	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GATAGTTATATAACGTGAATCATGAGTG	1028	+

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d45	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTTGATCAACTGGACTTAGATAAT	1589	+
pBRFseR d46+47	XhoI	NruI	+	+	GAAGACTGGAAGCTCTGGATAAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	594	+
pBRFseR d48	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CATGGAATATATGGGATGGTAAATAATTTTGAATA	603	+
pBRFseR d49	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCGGTGGATGGATGAACAATG	790	+
pBRFseR d50	HindIII	XhoI	+	+	ATTCTACCATAGCAGAACTTAGGC	CAGATGCGGTATCCATTGAAC	656	+
pBRFseR d51	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GAGGTACGAAGATTCTGGTACATAC	875	+
pBRFseR d52	HindIII	DraIII	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GGCGACCACAACAAGAACA	977	+
pBRFseR d53	HindIII	DraIII	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GGCGACCACAACAAGAACA	732	+
pBRFseR d54	HindIII	DraIII	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GGCGACCACAACAAGAACA	471	+
pBRFseR d55	HindIII	DraIII	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTAATGCGTATGCGGAGGTT	533	+
pBRFseR d56	HindIII	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTTAGCACTGTATTCGGCAGAT	710	+
pBRFseR d57+58	HindIII	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ATCGTGCTCGATTCTATC	568	+
pBRFseR d59	HindIII	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ATCAGAGCAGGATATTCGATAGTC	540	+
pBRFseR d60	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCCACATTTACAACCTCATTATAG	551	+
pBRFseR d61	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TGTATCTAATCGTGGTGATGAC	796	+
pBRFseR d62	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TGTATCTAATCGTGGTGATGAC	605	+
pBRFseR d63	HindIII	NruI	+	+	CATCCTGTTCTATCAACGATTCTAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	479	+
pBRFseR d64	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GACATCGGGAGAATACAACAATG	1104	+
pBRFseR d65	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GACATCGGGAGAATACAACAATG	429	+
pBRFseR d66	HindIII	XhoI	+	+	TCTCCATCAAATGCCAGACAATC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	574	+
pBRFseR d67	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTAGATTGGCATCCTATGGACTATA	691	+
pBRFseR d68	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACGACGAACCACCAGAAGAT	939	+
pBRFseR d69	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTGCTGCTCTATTGTCTGA	1286	+
pBRFseR d70	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTGCTGCTCTATTGTCTGA	447	+
pBRFseR d71	HindIII	XhoI	+	+	TGTCTAACTAATGGAGGTTTCATCAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	833	+
pBRFseR d72	HindIII	XhoI	+	+	TGTCTAACTAATGGAGGTTTCATCAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1989	+
pBRFseR d73	HindIII	XhoI	+	+	TTGGCTCGTCTAGGCTTGTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	503	+
pBRFseR d74	HindIII	XhoI	+	+	TTGGCTCGTCTAGGCTTGTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1141	+

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d75	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CAGATCATCGCTAGACATGACATT	436	+
pBRFseR d76	XhoI	DrallI	+	+	CGAGTAACATCCGCTCTGGAGATA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	607	+
pBRFseR d77	XhoI	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACGCACAGACGATGGATTATTG	722	+
pBRFseR d78	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTATGTCATCCCGATGAACTTATC	1067	+
pBRFseR d79	XhoI	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTATGTCATCCCGATGAACTTATC	693	+
pBRFseR d80	HindIII	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	AGTAGTTAATCCGCATCTCCTTAG	1685	+
pBRFseR d81	HindIII	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	AGTAGTTAATCCGCATCTCCTTAG	1457	+
pBRFseR d82	HindIII	NcoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	AGTAGTTAATCCGCATCTCCTTAG	650	+
pBRFseR d83	XhoI	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAACTGTTGGAATCTGAATGC	1889	+
pBRFseR d84	XhoI	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAACTGTTGGAATCTGAATGC	1622	+
pBRFseR d85	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAACTGTTGGAATCTGAATGC	461	+
pBRFseR d86	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTGTGCGTTATGCCATCTATG	398	+
pBRFseR d87	HindIII	XhoI	+	+	TAGTTCCAACATCATACCGATAGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	467	+
pBRFseR d88	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCTCCGATAAATCTACATGTTT	674	+
pBRFseR d89	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCTCCGATAAATCTACATGTTT	420	+
pBRFseR d90	HindIII	NcoI	+	+	CCGTATTTCATCATTTCGCTGTC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	407	+
pBRFseR d91	HindIII	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTCTCTGTCTCTAACGTCTTGTTT	501	+
pBRFseR d92	HindIII	XhoI	+	+	GCAAAGTTTCTATTAGGGTTCC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	427	+
pBRFseR d93	HindIII	DrallI	+	+	ACTCGTATGTTCTCCTTGTC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	549	+
pBRFseR d94	HindIII	XhoI	+	+	ACTCGTATGTTCTCCTTGTC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	742	+
pBRFseR d95	DrallI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTGCCTAATAGGCATCAGTTCC	607	+
pBRFseR d96+97	HindIII	DrallI	+	+	TTCTGCCGCATACAATAACTTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	657	+
pBRFseR d98	HindIII	DrallI	+	+	TTCTGCCGCATACAATAACTTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1393	+
pBRFseR d99	NruI	DrallI	+	+	GCGCACACAATACAGAAGATAGC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	596	+
pBRFseR d100	XhoI	PstI	+	+	GCGCACACAATACAGAAGATAGC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1380	+
pBRFseR d101	DrallI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ATGATCCTTGACGGAAGATAACC	643	+
pBRFseR d102	HindIII	DrallI	+	+	CACCAACGACGATAGTTCTGAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	621	+
pBRFseR d103	HindIII	DrallI	+	+	CACCAACGACGATAGTTCTGAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1273	+

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d104	Dralll	PstI	+	+	CACCAACGACGATAGTTCTGAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1657	+
pBRFseR d106	HindIII	Dralll	+	+	CGCCAAGCTATTAGGTGAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	550	+
pBRFseR d107	Dralll	PstI	+	+	CGCCAAGCTATTAGGTGAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1550	+
pBRFseR d108	NruI	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CGCAATAATCCGCAGTGAATAC	549	+
pBRFseR d109	NruI	Dralll	+	+	AACATGGTAACTGGAGTAGAGATAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	778	+
pBRFseR d110	HindIII	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GGCTAGAAGTCTACCTCTATCACT	517	+
pBRFseR d111	HindIII	PvuI	+	+	TGTGCTAGTTACGAACCAGAATC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1053	+
pBRFseR d112	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GCTAACGTGTGACGAAGATTAAG	601	+
pBRFseR d113	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CAGCTGCTTGAACATCCTCTAG	846	+
pBRFseR d114	HindIII	XhoI	+	+	TCGTGAAATAAAGTCATCGTAGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	443	+
pBRFseR d115	HindIII	XhoI	+	+	TCGTGAAATAAAGTCATCGTAGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1054	+
pBRFseR d117+116	Dralll	PstI	+	+	CAAGGATCTCCGAACGTATGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	478	+
pBRFseR d118	HindIII	XhoI	+	+	CAAGGATCTCCGAACGTATGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	962	+
pBRFseR d119+119A	HindIII	XhoI	+	+	AAACGGCTTTTTCAAAAATATGG	ACCTCTATATCTACCACCGTGC	460	+
pBRFseR d120	HindIII	XhoI	+	+	GAAGTTCTTGACATCATCTGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	356	+
pBRFseR d121	HindIII	XhoI	+	+	GAAGTTCTTGACATCATCTGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	930	+
pBRFseR d122	HindIII	XhoI	+	+	GAAGTTCTTGACATCATCTGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1628	+
pBRFseR d123	HindIII	XhoI	+	+	CTGGTAGAGAGGCTGCTGAAA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	651	+
pBRFseR d124	HindIII	XhoI	+	+	CTGGTAGAGAGGCTGCTGAAA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2591	+
pBRFseR d125	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCTGGAATGCGAATGAAGTTCT	417	+
pBRFseR d126	HindIII	XhoI	+	+	ACCCTCCACTTATATCCTCCTTT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	429	+
pBRFseR d127	HindIII	XhoI	+	+	ACCCTCCACTTATATCCTCCTTT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1001	+
pBRFseR d128	HindIII	NcrI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTGTTGAGTAGTTTATTCCACCAT	1226	+
pBRFseR d129+130	HindIII	Sall	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CTGTTGAGTAGTTTATTCCACCAT	329	+
pBRFseR d131	Dralll	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAATGGATTCAGACGATGGTT	1790	+
pBRFseR d132	Dralll	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAATGGATTCAGACGATGGTT	1314	+
pBRFseR d133	Dralll	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAATGGATTCAGACGATGGTT	622	+
pBRFseR d134	NruI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCAATGGATTCAGACGATGGTT	370	+

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d135	Dralll	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCCTCTTCTTCATCATCCTCGTA	1204	+
pBRFseR d136	Dralll	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCCTCTTCTTCATCATCCTCGTA	342	+
pBRFseR d137	HindIII	PvuI	+	+	GCGGTTGGATAGGCTGTCT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	464	+
pBRFseR d138	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTTGTGCTGGTGATGATAGTTC	743	+
pBRFseR d139	Dralll	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTCTTACTCATTGATCCGCTCTAA	1609	+
pBRFseR d140	Dralll	XhoI	+	+	GGCGACTTCTCATCTATGTAATCA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	373	+
pBRFseR d141	HindIII	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTCTTACTCATTGATCCGCTCTAA	289	+
pBRFseR d142	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TCCTCTGGAGATGACACTACGG	412	+
pBRFseR d143	HindIII	Dralll	+	+	AATTTGGATATAGCAGCCTGAAGC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	466	+
pBRFseR d144	Dralll	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTTGGTGTGCGAATTATCC	1607	+
pBRFseR d145	HindIII	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTTGGTGTGCGAATTATCC	1371	+
pBRFseR d146	HindIII	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTTGGTGTGCGAATTATCC	991	+
pBRFseR d147	HindIII	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTTGGTGTGCGAATTATCC	822	+
pBRFseR d148	Dralll	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTGTTGGTGTGCGAATTATCC	554	+
pBRFseR d149	XhoI	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCAAGTGAAGAGTGATGATAGAGG	1118	+
pBRFseR d150	Dralll	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCAAGTGAAGAGTGATGATAGAGG	705	+
pBRFseR d151	HindIII	XhoI	+	+	CGATTGCTGCTGTTCTCTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	404	+
pBRFseR d152+152A	Dralll	KpnI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTTTCCAGATCCAAGTTCTACCAT	841	+
pBRFseR d153	Dralll	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GTTTCCAGATCCAAGTTCTACCAT	514	+
pBRFseR d154	XhoI	Dralll	+	+	GATAACTGTAGTCTTGGGCTTCTTT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	778	+
pBRFseR d155	KpnI	XhoI	+	+	GATAACTGTAGTCTTGGGCTTCTTT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1850	+
pBRFseR d156	XhoI	Dralll	+	+	CTCGCCTGTCATGTCTGGTAA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	404	+
pBRFseR d157	XhoI	PvuI	+	+	CTCGCCTGTCATGTCTGGTAA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1552	+
pBRFseR d158	XhoI	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GCGGCTATGATATCTCTGGCTAA	1892	+
pBRFseR d159	XhoI	Dralll	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GCGGCTATGATATCTCTGGCTAA	1268	+
pBRFseR d161	XhoI	NruI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACCTCCTCCAGACAAGTATTTAACA	2413	+
pBRFseR d162	HindIII	XhoI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACCTCCTCCAGACAAGTATTTAACA	2029	+
pBRFseR d163	HindIII	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACCTCCTCCAGACAAGTATTTAACA	1588	+

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d164	NcoI	PstI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACCTCCTCCAGACAAGTATTTAACA	706	+
pBRFseR d165	NruI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACCTCCTCCAGACAAGTATTTAACA	477	+
pBRFseR d166	HindIII	NruI	+	+	GCGGACATGGTAATCATAGATAGTAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	659	+
pBRFseR d167	HindIII	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GATTATTGGATCTAGCCGTCTGTAT	477	+
pBRFseR d168	HindIII	NruI	+	+	GATTATTGGATCTAGCCGTCTGTAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1001	+
pBRFseR d169	NruI	PvuI	+	+	GATTATTGGATCTAGCCGTCTGTAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1466	+
pBRFseR d170+171	NruI	PvuI	+	+	GATTATTGGATCTAGCCGTCTGTAT	AAACGGCTTTTTCAAAAATATGG	1988	+
pBRFseR d172	NruI	PvuI	+	+	GTTCTCAGGATTCTAATGATTTGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	552	+
pBRFseR d173	NruI	PvuI	+	+	GTTCTCAGGATTCTAATGATTTGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1293	+
pBRFseR d174	DrallI	PvuI	+	+	GTTCTCAGGATTCTAATGATTTGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2192	+
pBRFseR d175	DrallI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	TTCCGTTATTGGTTCCGCATAC	589	+
pBRFseR d176	HindIII	PvuI	+	+	TAACAGAGTTCATCAACACATTCC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	993	+
pBRFseR d177	HindIII	PvuI	+	+	TAACAGAGTTCATCAACACATTCC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2140	+
pBRFseR d178	HindIII	DrallI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	CCAGTAAGCAACTCCATAGCATAAC	584	+
pBRFseR d179	DrallI	PvuI	+	+	TCGTCTAGCGTTGCTTCTACAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	464	+
pBRFseR d180	HindIII	DrallI	+	+	TCGTCTAGCGTTGCTTCTACAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	903	+
pBRFseR d181	HindIII	DrallI	+	+	TCGTCTAGCGTTGCTTCTACAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1490	+
pBRFseR d182	DrallI	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	ACATCCTCGACTAATATCTCCGTAA	421	+
pBRFseR d183	DrallI	PvuI	+	+	GGTCTATTGCTTCCATGCTAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	663	+
pBRFseR d184	DrallI	PvuI	+	+	GGTCTATTGCTTCCATGCTAC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	946	+
pBRFseR d185	HindIII	PvuI	+	+	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	GGCAATCCAGATTCATAACTCTTAC	746	+
pBRFseR d186	HindIII	PvuI	+	+	CGCCTCATTGTCGCTTATATTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	663	+
pBRFseR d187	HindIII	PvuI	+	+	CGCCTCATTGTCGCTTATATTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1333	+
pBRFseR d188	HindIII	PvuI	+	+	CGCCTCATTGTCGCTTATATTG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1853	+
pBRFseR d189	HindIII	PvuI	+	+	CAAGTCACATACAGCGAATGGAATA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	326	+
pBRFseR d190	HindIII	PvuI	+	+	CAAGTCACATACAGCGAATGGAATA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1400	+
pBRFseR d191	HindIII	PvuI	+	+	CAAGTCACATACAGCGAATGGAATA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2293	+
pBRFseR d193	HindIII	XhoI	+	+	TGAATATTGCGACGACATACG	GGCTCCTTATACCAAGCACTC	636	+

mutant BAC	enzymes for RFLP		Verification by RFLP		sequencing primer fw (5'-3')	sequencing primer rv (5'-3')	length of PCR products (bp)	Verification by sequencing
pBRFseR d194	Scal	PvuI	+	+	GAGTTTATCAGAAGATGGATGGATG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	655	+
pBRFseR d195	SpeI	PvuI	+	+	GAGTTTATCAGAAGATGGATGGATG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1567	+
pBRFseR d196	NruI	PvuI	+	+	GAGTTTATCAGAAGATGGATGGATG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2304	+
pBRFseR d197	HindIII	PvuI	+	+	AAGCGAGCAATATAGTCTTGGATC	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	674	+
pBRFseR d199	HindIII	NcoI	+	+	AATGAGATACGGTAGACATCCTTCT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	488	+
pBRFseR d200	XhoI	NruI	+	+	AATGAGATACGGTAGACATCCTTCT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1540	+
pBRFseR d201	HindIII	NruI	+	+	AATGAGATACGGTAGACATCCTTCT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	461	+
pBRFseR d202	XhoI	NruI	+	+	AATGAGATACGGTAGACATCCTTCT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1058	+
pBRFseR d203	NcoI	DraIII	+	+	AATGAGATACGGTAGACATCCTTCT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1940	+
pBRFseR d204	HindIII	XhoI	+	+	AACTGATACTAACCTGTGGAGC	ATCCGTATCCGTGATTTCGTC	504	+
pBRFseR d205	XhoI	PvuI	+	+	AGTATGATGGTGCATGGAAGTTAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	302	+
pBRFseR d206	SpeI	PvuI	+	+	AGTATGATGGTGCATGGAAGTTAG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	638	+
pBRFseR d208	NruI	DraIII	+	+	ATGTGATTAGGCATGTCGATGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	360	+
pBRFseR d209	NcoI	PvuI	+	+	ATGTGATTAGGCATGTCGATGG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	893	+
pBRFseR d210	HindIII	PvuI	+	+	GAAGTTGATCCACCAACGATCTTAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1504	+
pBRFseR d212	XhoI	PvuI	+	+	CTTCCGACTACATAACACGATAT	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	1109	+
pBRFseR d214+215	HindIII	XhoI	+	+	CCTGTACATCGTACAAATGACAAAC	CTTGACAAATTGGTATCCGTACAC	597	+
pBRFseR d216	HindIII	PacI	+	+	TTATATCATGCACAATATACTACCCATCTACT	CAAATAATAACGATACCGAAACGA	308	+
pBRFseR d217	DraIII	PvuI	+	+	GCATAGATATGGAGGAGGATACAGA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	893	+
pBRFseR d218	HindIII	PvuI	+	+	GCATAGATATGGAGGAGGATACAGA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2075	+
pBRFseR d219	NruI	PvuI	+	+	GCATAGATATGGAGGAGGATACAGA	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2902	+
pBRFseR d221	HindIII	PvuI	+	+	GCCGAAGCATTGAATGACATG	CCGTTGAATATGGCTCATAACAC	2486	+

* means verification result was correct

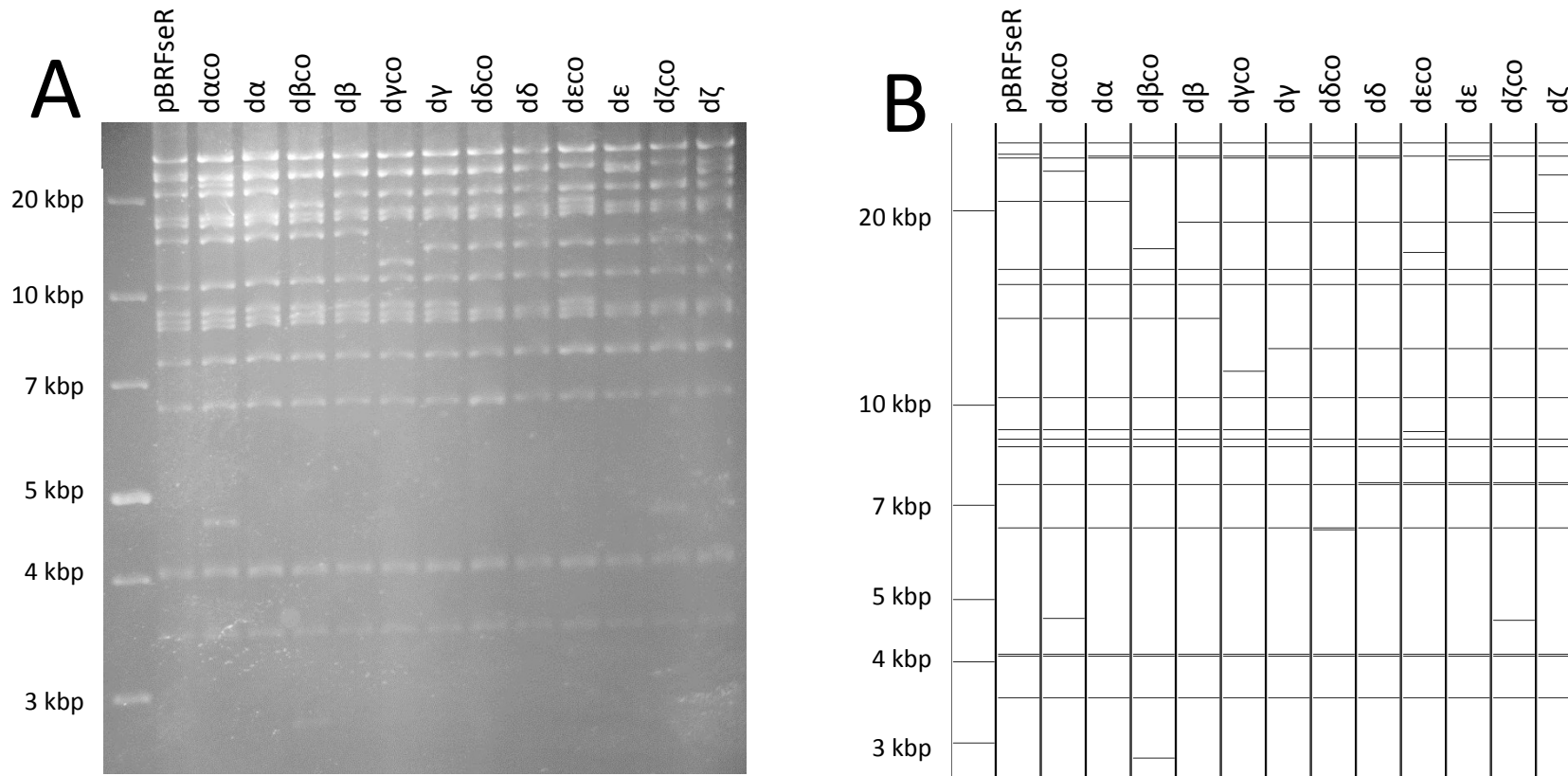


Figure S1. RFLP analysis of complete deletion of kelch-like genes from pBRFseR mutant BAC clone. A. BAC DNA was isolated and cleaved with HindIII and separated on a 0.8% agarose gel. Sizes of a molecular weight marker (generuler 1-kb plus DNA ladder, Fermentas) are shown. B. RFLP patterns of respective BAC clones predicted by *in silico* HindIII digests using VectorNTI. RFLP patterns correspond exactly to predictions.

Nomenclature of kelch-like genes deletion mutants.

- dα:ORF13 deletion of WT BAC (pBRFseR); dαco:co-intergate for generating dα by *en passant* mutagenesis;
- dβ:ORF35 deletion of dα; dβco: co-intergate for generating dβ by *en passant* mutagenesis;
- dγ:ORF50 deletion of dβ; dγco: co-intergate for generating dγ by *en passant* mutagenesis;
- dδ:ORF193 deletion of dγ; dδco: co-intergate for generating dδ by *en passant* mutagenesis;
- dε:ORF204 deletion of dδ; dεco: co-intergate for generating dε by *en passant* mutagenesis;
- dζ:ORF214 deletion of dε; dζco co-intergate for generating dζ by *en passant* mutagenesis;

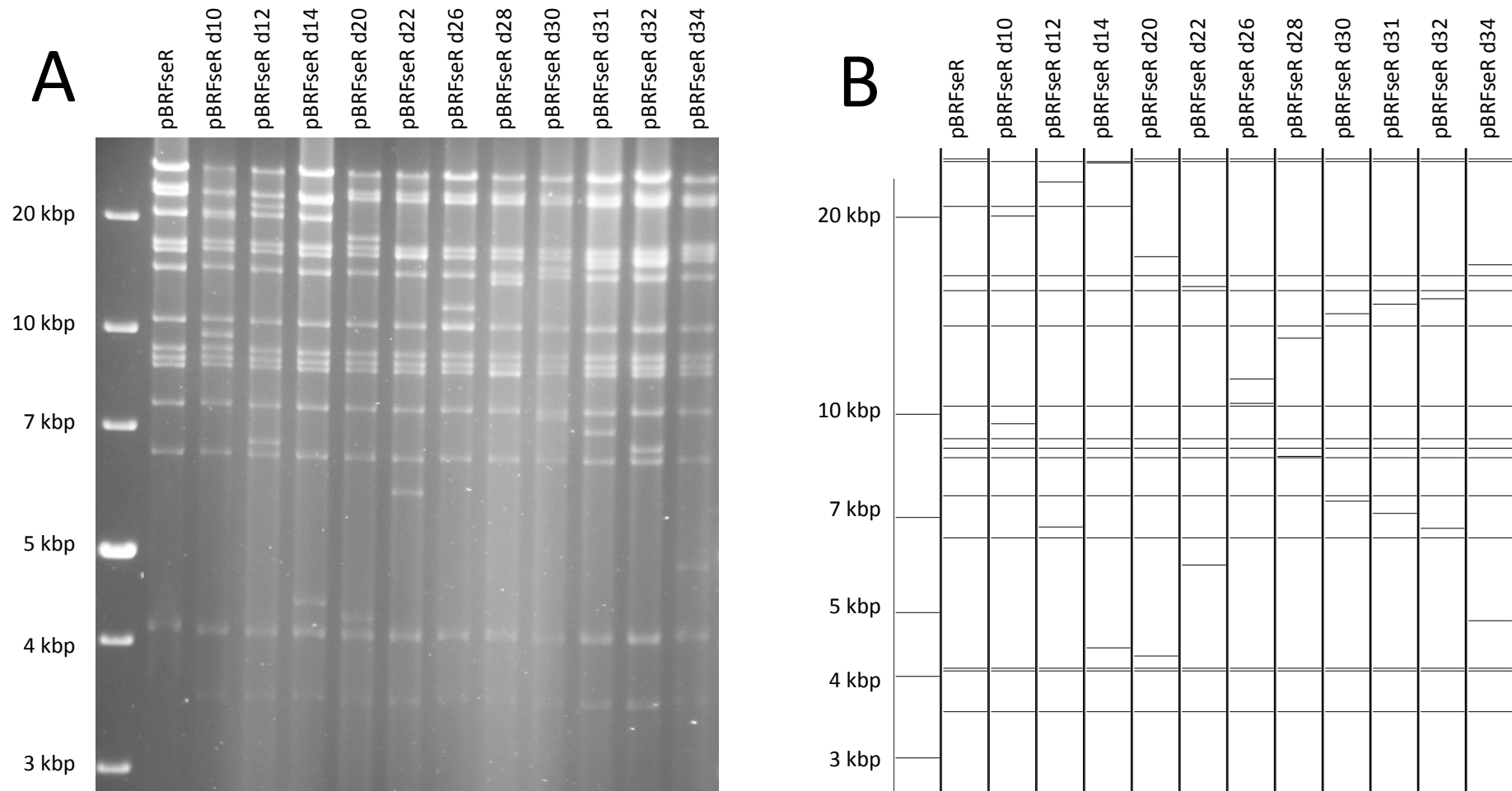


Figure S2. Example of RFLP analysis of mutant BAC clone. A. BAC DNA was isolated and cleaved with HindIII and separated on a 0.8% agarose gel. Sizes of a molecular weight marker (generuler 1-kb plus DNA ladder, Fermentas) are shown. B. RFLP patterns of respective BAC clones predicted by *in silico* HindIII digests using VectorNTI. RFLP patterns correspond exactly to predictions.