

2) fwhF2_GCACCTGG	0	5	5	4	5	7	6	5	6	5	5	5	5	3	5	5	4	7	6	5	5	6	6	5	6	5	7	6	5	4	5	7	7	5	5	4	5	
2B) fwhF2_GAGAATG	5	0	6	5	6	6	5	4	7	7	7	7	5	6	7	5	4	4	5	4	6	6	6	5	6	5	6	5	7	6	7	3	7	6	6	5	6	
2C) fwhF2_CCGGGGA	5	6	0	1	1	7	6	6	6	6	7	7	7	6	5	5	6	6	3	4	4	4	5	5	5	5	5	6	5	6	6	5	4	5	6	6		
2C) fwhF2_CCGGGGG	4	5	1	0	1	7	5	5	6	7	7	7	7	6	6	4	6	6	4	3	5	5	5	4	5	5	5	6	6	5	6	6	4	6	6	5	6	
2C) fwhF2_CCGGGGT	5	6	1	1	0	7	6	6	6	7	7	6	7	6	6	5	5	5	4	4	5	5	5	5	4	4	4	6	6	6	5	6	3	6	6	6	5	
8) mlCOIintF_ATTACAC	7	6	7	7	7	0	5	7	3	6	5	6	6	5	4	4	6	6	6	6	5	5	4	5	5	6	7	4	6	6	6	5	5	6	5	6	6	
B) mlCOIintF_CTTTACG	6	5	6	5	6	5	0	4	3	6	6	6	4	6	6	4	7	5	6	5	7	7	7	6	7	5	7	6	5	4	5	7	5	5	5	4	5	
C) mlCOIintF_TACTAGG	5	4	6	5	6	7	4	0	7	6	6	6	5	5	6	5	4	3	6	5	7	7	7	6	7	7	5	6	5	4	5	5	7	5	5	4	5	
14) BF3_CTTCCCC	6	7	6	6	6	3	3	7	0	4	3	4	5	4	4	6	7	7	6	6	6	7	6	7	7	4	7	5	6	6	6	6	5	6	5	6	6	
14B) BF3_TGACCCA	5	7	6	7	7	6	6	6	4	0	1	1	4	6	3	7	7	6	6	7	4	5	6	6	6	5	5	5	5	6	6	4	6	5	6	6	6	
14B) BF3_TGACCCC	5	7	7	7	7	5	6	6	3	1	0	1	3	5	4	7	7	6	7	7	5	6	5	6	6	5	5	4	6	6	6	5	6	6	5	6	6	
14B) BF3_TGACCCT	5	7	7	7	6	6	6	6	4	1	1	0	4	6	4	7	6	5	7	7	5	6	6	6	5	4	4	5	6	6	5	5	5	6	6	6	5	
14C) BF3_GGATACC	5	5	7	7	7	6	4	5	5	4	3	4	0	5	6	6	6	5	7	7	6	6	5	6	6	5	6	5	5	5	5	7	6	5	4	5	5	
17) ArF5_GTCCTGC	3	6	6	6	6	5	6	5	4	6	5	6	5	0	5	7	3	7	6	6	7	6	5	6	6	4	6	5	5	5	5	7	7	6	5	6	6	
17B) ArF5_AGTCCGA	5	7	5	6	6	4	6	6	4	3	4	4	6	5	0	5	6	7	6	7	4	4	5	5	5	6	6	7	5	6	6	5	5	6	7	7	7	
17C) ArF5_ACTGAAG	5	5	5	4	5	4	4	5	6	7	7	7	6	7	5	0	7	5	6	5	4	4	4	3	4	7	6	7	5	4	5	7	4	6	6	5	6	
2) fwhR2n_GACATGT	4	4	6	6	5	6	7	4	7	7	7	6	6	3	6	7	0	5	5	5	7	6	6	6	5	5	5	6	5	5	4	5	6	5	5	5	4	
2B) fwhR2n_TAGTAAT	7	4	6	6	5	6	5	3	7	6	6	5	5	7	7	5	5	0	7	7	7	5	5	5	4	5	5	6	6	6	5	4	5	4	4	4	3	
2C) fwhR2n_CCCAGTA	6	5	3	4	4	6	6	6	6	6	7	7	7	6	6	6	5	7	0	1	4	6	7	7	7	6	4	4	4	5	5	4	5	5	5	6	6	6
2C) fwhR2n_CCCAGTG	5	4	4	3	4	6	5	5	6	7	7	7	7	6	7	5	5	7	1	0	5	7	7	6	7	6	4	4	5	4	5	5	5	6	6	5	6	
ol-degen-rev_ACAGCTA	5	6	4	5	5	5	7	7	6	4	5	5	6	7	4	4	7	7	4	5	0	4	5	5	5	7	5	5	4	5	5	4	6	5	6	6	6	
ol-degen-rev_AGGGTAA	6	6	4	5	5	5	7	7	7	5	6	6	6	6	4	4	6	5	6	7	4	0	1	1	1	6	5	7	4	5	5	5	4	4	5	5	5	
ol-degen-rev_AGGGTAC	6	6	5	5	5	4	7	7	6	6	5	6	5	5	5	4	6	5	7	7	5	1	0	1	1	6	5	6	5	5	5	6	4	5	4	5	5	
ol-degen-rev_AGGGTAG	5	5	5	4	5	5	6	6	7	6	6	6	6	6	5	3	6	5	7	6	5	1	1	0	1	6	5	7	5	4	5	6	4	5	5	4	5	
ol-degen-rev_AGGGTAT	6	6	5	5	4	5	7	7	7	6	6	5	6	6	5	4	5	4	7	7	5	1	1	1	0	5	4	7	5	5	4	6	3	5	5	5	4	
ol-degen-rev_GTGCGCT	5	5	5	5	4	6	5	7	4	5	5	4	5	4	6	7	5	5	6	6	7	6	6	6	5	0	5	5	6	6	5	6	5	7	7	7	6	
15) BR2_TGCGGTT	7	6	5	5	4	7	7	5	7	5	5	4	6	6	6	6	5	5	4	4	5	5	5	5	4	5	0	4	6	6	5	5	3	7	7	7	6	
14A) BR2_TTAAGTC	6	5	6	6	6	4	6	6	5	5	4	5	5	5	7	7	6	6	4	4	5	7	6	7	7	5	4	0	7	7	7	4	6	6	5	6	6	
14B) BR2_ACCTTCA	5	7	5	6	6	6	5	5	6	5	6	6	5	5	5	5	6	4	5	4	4	4	5	5	5	6	6	7	0	1	1	6	7	4	5	5	5	
14B) BR2_ACCTTCG	4	6	6	5	6	6	4	4	6	6	6	6	5	5	6	4	5	6	5	4	5	5	5	4	5	6	6	7	1	0	1	7	7	5	5	4	5	
14B) BR2_ACCTTCT	5	7	6	6	5	6	5	5	6	6	6	5	5	5	6	5	4	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	7	1	1	0	7	6	5	5	5	4	
ol-degen-rev_TAGACTA	7	3	5	6	6	5	7	5	6	4	5	5	7	7	5	7	5	4	4	5	4	5	6	6	6	6	5	4	6	7	7	0	7	5	6	6	6	
ol-degen-rev_CGTGGAT	7	7	4	4	3	5	5	7	5	6	6	5	6	7	5	4	6	5	5	5	6	4	4	4	3	5	3	6	7	7	6	7	0	5	5	5	4	
ol-degen-rev_CAATTAA	5	6	5	6	6	6	5	5	6	5	6	6	5	6	6	6	5	4	5	6	5	4	5	5	5	7	7	6	4	5	5	5	5	5	0	1	1	1
ol-degen-rev_CAATTAC	5	6	6	6	6	5	5	5	5	6	5	6	4	5	7	6	5	4	6	6	6	5	4	5	5	7	7	5	5	5	5	6	5	1	0	1	1	
ol-degen-rev_CAATTAG	4	5	6	5	6	6	4	4	6	6	6	6	5	6	7	5	5	4	6	5	6	5	5	4	5	7	7	6	5	4	5	6	5	1	1	0	1	
ol-degen-rev_CAATTAT	5	6	6	6	5	6	5	5	6	6	6	5	5	6	7	6	4	3	6	6	6	5	5	5	4	6	6	6	5	5	4	6	4	1	1	1	0	