

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