

2) fwhF2_GCCTGG	0	5	5	5	5	6	5	3	6	5	5	5	5	3	5	4	3	5	5	4	4	6	6	5	6	6	5	6	6	5	6	5	5	4	4	3	4
2B) fwhF2_TTCTAAG	5	0	5	4	5	4	5	5	5	6	6	6	4	5	5	5	5	3	5	4	6	5	6	5	6	6	5	5	4	4	5	5	5	4	5	4	5
2C) fwhF2_ATGTGGA	5	5	0	1	1	4	5	5	6	4	5	5	5	5	6	7	5	4	5	5	5	4	4	4	4	6	4	5	4	5	5	5	4	5	6	5	6
2C) fwhF2_ATGTGGG	5	4	1	0	1	5	4	4	6	5	5	5	5	5	7	6	5	4	6	5	6	5	5	4	5	6	4	5	5	4	5	6	5	6	6	5	6
2C) fwhF2_ATGTGGT	5	5	1	1	0	5	4	5	6	5	5	4	5	5	7	7	4	3	5	5	5	4	4	4	4	5	3	4	5	5	4	6	4	6	6	5	5
8) mlCOIintF_ATTACAC	6	4	4	5	5	0	5	5	3	4	4	5	4	5	5	4	6	5	6	6	5	5	4	5	5	5	7	3	4	5	5	5	5	4	3	4	4
B) mlCOIintF_AGAGATG	5	5	5	4	4	5	0	5	7	6	6	5	5	5	5	3	3	5	5	4	3	4	4	3	3	4	4	5	6	5	6	4	4	5	5	4	4
C) mlCOIintF_CCGACGG	3	5	5	4	5	5	5	0	5	4	4	4	5	6	3	3	5	4	6	5	5	6	6	5	6	4	5	5	7	6	7	4	6	6	6	5	6
14) BF3_CTTCCCC	6	5	6	6	6	3	7	5	0	4	3	4	5	4	6	4	7	6	5	5	6	7	6	7	7	5	6	3	5	5	5	6	6	6	5	6	6
14B) BF3_CAGTCCA	5	6	4	5	5	4	6	4	4	0	1	1	5	5	4	4	6	6	5	6	3	5	5	5	5	4	6	4	4	5	5	3	5	5	5	5	5
14B) BF3_CAGTCCC	5	6	5	5	5	4	6	4	3	1	0	1	4	4	5	4	6	6	6	6	4	6	5	6	6	4	6	4	5	5	5	4	6	6	5	6	6
14B) BF3_CAGTCCT	5	6	5	5	4	5	5	4	4	1	1	0	5	4	5	4	5	5	5	5	4	6	5	6	5	3	5	4	5	5	4	4	5	6	5	6	5
14C) BF3_GCGTAAC	5	4	5	5	5	4	5	5	5	5	4	5	0	4	4	4	5	5	5	6	5	3	3	4	4	5	5	4	5	5	5	6	4	5	5	6	6
17) ArF5_GTCCTGC	3	5	5	5	5	5	5	6	4	5	4	4	4	0	4	5	3	5	5	4	6	6	5	6	6	6	5	5	5	5	5	6	5	5	4	5	5
17B) ArF5_GCCGACA	5	5	6	7	7	5	5	3	6	4	5	5	4	4	0	4	5	6	4	5	4	5	5	6	6	4	5	6	5	6	6	4	5	5	5	6	6
17C) ArF5_CGACACG	4	5	7	6	7	4	3	3	4	4	4	4	4	5	4	0	3	6	5	5	5	6	5	5	6	3	6	5	5	4	5	5	6	5	4	4	5
2) fwhR2n_GACATGT	3	5	5	5	4	6	3	5	7	6	6	5	5	3	5	3	0	4	4	4	4	6	6	6	5	5	5	5	6	6	5	5	4	5	5	5	4
2B) fwhR2n_TCTAGGT	5	3	4	4	3	5	5	4	6	6	6	5	5	5	6	6	4	0	5	5	4	6	6	6	6	4	4	4	5	5	4	5	4	6	6	5	5
2C) fwhR2n_TACCGTA	5	5	5	6	5	6	5	6	5	5	6	5	5	5	4	5	4	5	0	1	3	4	4	4	4	6	3	5	5	6	6	3	6	4	4	4	4
2C) fwhR2n_TACCGTG	4	4	5	5	5	6	4	5	5	6	6	5	6	4	5	5	4	5	1	0	4	5	5	4	5	6	3	5	6	5	6	4	6	5	5	4	5
ol-degen-rev_ACAGCTA	4	6	5	6	5	5	3	5	6	3	4	4	5	6	4	5	4	4	3	4	0	4	4	4	4	4	5	5	6	7	6	3	6	3	3	3	3
ol-degen-rev_AGGGTAA	6	5	4	5	4	5	4	6	7	5	6	6	3	6	5	6	6	6	4	5	4	0	1	1	1	6	4	6	4	5	5	4	4	3	4	4	4
ol-degen-rev_AGGGTAC	6	6	4	5	4	4	4	6	6	5	5	5	3	5	5	5	6	6	4	5	4	1	0	1	1	5	4	5	5	5	5	4	4	4	3	4	4
ol-degen-rev_AGGGTAG	5	5	4	4	4	5	3	5	7	5	6	6	4	6	6	5	6	6	4	4	4	1	1	0	1	6	4	6	5	4	5	4	4	4	4	3	4
ol-degen-rev_AGGGTAT	6	6	4	5	4	5	3	6	7	5	6	5	4	6	6	6	5	6	4	5	4	1	1	1	0	5	3	6	5	5	4	4	3	4	4	4	3
ol-degen-rev_CAAGACT	6	6	6	6	5	5	4	4	5	4	4	3	5	6	4	3	5	4	6	6	4	6	5	6	5	0	5	4	6	6	5	3	5	4	4	4	4
15) BR2_TGCGGTT	5	5	4	4	3	7	4	5	6	6	6	5	5	5	5	6	5	4	3	3	5	4	4	4	3	5	0	5	5	5	4	5	4	7	7	7	6
14A) BR2_CTTAGTC	6	5	5	5	4	3	5	5	3	4	4	4	4	5	6	5	5	4	5	5	5	6	5	6	6	4	5	0	5	5	5	5	5	6	5	6	6
14B) BR2_TGTTTCA	6	4	4	5	5	4	6	7	5	4	5	5	5	5	5	6	5	5	5	6	6	4	5	5	5	6	5	5	0	1	1	4	4	5	6	6	6
14B) BR2_TGTTTCG	5	4	5	4	5	5	5	6	5	5	5	5	5	5	6	4	6	5	6	5	7	5	5	4	5	6	5	5	1	0	1	5	4	6	6	5	6
14B) BR2_TGTTTCT	6	5	5	5	4	5	6	7	5	5	5	4	5	5	6	5	5	4	6	6	6	5	5	5	4	5	4	5	1	1	0	5	3	6	6	6	5
ol-degen-rev_TAGACTA	5	5	5	6	6	5	4	4	6	3	4	4	6	6	4	5	5	5	3	4	3	4	4	4	4	3	5	5	4	5	5	0	5	3	3	3	3
ol-degen-rev_GGTTGAT	5	5	4	5	4	5	4	6	6	5	6	5	4	5	5	6	4	4	6	6	6	4	4	4	3	5	4	5	4	4	3	5	0	6	6	6	5
ol-degen-rev_AAACATA	4	4	5	6	6	4	5	6	6	5	6	6	5	5	5	5	6	4	5	3	3	4	4	4	4	4	7	6	5	6	6	3	6	0	1	1	1
ol-degen-rev_AAACATC	4	5	6	6	6	3	5	6	5	5	5	5	5	4	5	4	5	6	4	5	3	4	3	4	4	4	7	5	6	6	6	3	6	1	0	1	1
ol-degen-rev_AAACATG	3	4	5	5	5	4	4	5	6	5	6	6	6	5	6	4	5	5	4	4	3	4	4	3	4	4	7	6	6	5	6	3	6	1	1	0	1
ol-degen-rev_AAACATAT	4	5	6	6	5	4	4	6	6	5	6	5	6	5	6	5	4	5	4	5	3	4	4	4	3	4	6	6	6	6	5	3	5	1	1	1	0