

2) fwhF2_GCACTGG	0	4	4	4	4	6	3	4	6	5	5	5	5	3	4	5	3	6	5	4	4	6	6	5	6	6	5	6	5	5	5	5	5	5	4	5		
2B) fwhF2_CTACACG	4	0	5	5	5	3	5	3	3	4	4	4	5	5	4	4	4	6	6	5	5	6	5	5	6	5	6	5	5	4	5	4	4	5	4	5		
2C) fwhF2_AACGGGA	4	5	0	1	1	6	5	6	7	4	5	5	6	5	4	6	4	5	3	4	4	5	5	5	5	7	4	5	5	5	6	5	7	4	5	5		
2C) fwhF2_AACGGGG	4	5	1	0	1	6	4	5	7	5	5	5	6	5	5	6	4	5	4	3	5	6	6	5	6	7	4	5	6	5	6	6	7	5	5	4	5	
2C) fwhF2_AACGGGT	4	5	1	1	0	6	5	6	7	5	5	4	6	5	5	7	3	4	4	4	4	5	5	5	5	6	3	4	5	5	5	5	6	5	5	5	4	
8) mlCOIintF_ATTACAC	6	3	6	6	6	0	4	5	3	4	4	5	4	5	6	4	6	5	7	7	5	5	5	6	6	4	7	4	5	5	5	5	4	5	5	6	6	
B) mlCOIintF_GATTGCG	3	5	5	4	5	4	0	5	5	4	4	4	4	4	6	4	4	6	6	5	5	5	4	4	5	6	6	5	5	4	5	6	4	6	5	5	6	
C) mlCOIintF_TCTAAGG	4	3	6	5	6	5	5	0	6	5	5	5	6	5	3	4	5	5	6	5	6	6	5	6	3	6	6	6	6	7	5	5	5	5	4	5		
14) BF3_CTTCCCC	6	3	7	7	7	3	5	6	0	4	3	4	4	4	6	5	7	6	6	6	6	6	5	6	6	6	6	5	5	5	5	6	6	6	5	6	6	
14B) BF3_TACTCCA	5	4	4	5	5	4	4	5	4	0	1	1	5	4	6	5	5	5	5	6	4	5	6	6	6	5	5	6	4	5	5	3	4	5	5	6	6	
14B) BF3_TACTCCC	5	4	5	5	5	4	4	5	3	1	0	1	5	4	7	5	5	5	6	6	5	6	5	6	6	6	5	6	5	5	5	4	4	6	5	6	6	
14B) BF3_TACTCCT	5	4	5	5	4	5	4	5	4	1	1	0	6	4	7	5	4	4	6	6	4	6	6	6	5	5	4	6	5	5	4	4	3	6	5	6	5	
14C) BF3_GGTCGAC	5	5	6	6	6	4	4	6	4	5	5	6	0	4	6	3	6	6	6	6	6	4	3	4	4	4	5	4	4	4	5	5	5	6	5	6	6	
17) ArF5_GTCCTGC	3	5	5	5	5	5	4	5	4	4	4	4	4	0	6	4	3	6	5	5	6	6	5	6	6	6	6	5	5	5	6	5	6	5	6	6		
17B) ArF5_CCAAGGA	4	4	4	5	5	6	6	3	6	6	7	7	6	6	0	7	5	6	3	4	4	5	6	6	6	6	6	6	5	6	7	7	5	6	3	3	3	3
17C) ArF5_GTGTCAG	5	4	6	6	7	4	4	4	5	5	5	5	3	4	7	0	5	5	6	6	6	4	4	3	4	4	5	5	4	4	5	5	5	5	4	5		
2) fwhR2n_GACATGT	3	4	4	4	3	6	4	5	7	5	5	4	6	3	5	5	0	4	5	5	4	6	6	6	5	5	5	6	5	5	4	5	4	5	5	5	4	
2B) fwhR2n_ACGTATT	6	6	5	5	4	5	6	5	6	5	5	4	6	6	6	5	4	0	5	5	4	5	5	5	4	4	4	3	5	5	4	5	4	4	4	4	3	
2C) fwhR2n_CCCGGTA	5	6	3	4	4	7	6	6	6	5	6	6	6	5	3	6	5	5	0	1	3	4	4	4	4	7	3	5	5	6	6	5	6	4	4	4	4	
2C) fwhR2n_CCCGGTG	4	5	4	3	4	7	5	5	6	6	6	6	6	5	4	6	5	5	1	0	4	5	5	4	5	7	3	5	6	5	6	6	7	5	5	4	5	
ol-degen-rev_ACAGCTA	4	5	4	5	4	5	5	6	6	4	5	4	6	6	4	6	4	4	3	4	0	4	4	4	4	6	5	4	3	4	4	3	5	4	4	4	4	
ol-degen-rev_CGGTTAA	6	6	5	6	5	5	5	6	6	5	6	6	4	6	5	4	6	5	4	5	4	0	1	1	1	4	4	5	3	4	4	5	5	3	4	4	4	
ol-degen-rev_CGGTTAC	6	5	5	6	5	5	4	6	5	6	5	6	3	5	6	4	6	5	4	5	4	1	0	1	1	5	4	4	4	4	4	5	4	4	3	4	4	
ol-degen-rev_CGGTTAG	5	5	5	5	5	6	4	5	6	6	6	6	4	6	6	3	6	5	4	4	4	1	1	0	1	5	4	5	4	3	4	5	5	4	4	3	4	
ol-degen-rev_CGGTTAT	6	6	5	6	5	6	5	6	6	6	6	5	4	6	6	4	5	4	4	5	4	1	1	1	0	4	4	5	4	4	3	5	4	4	4	4	3	
ol-degen-rev_TGTAAAT	6	5	7	7	6	4	6	3	6	5	6	5	4	6	6	4	5	4	7	7	6	4	5	5	4	0	4	5	6	6	5	5	3	5	6	6	5	
15) BR2_TGCGGTT	5	6	4	4	3	7	6	6	6	5	5	4	5	5	6	5	5	4	3	3	5	4	4	4	4	4	4	0	4	5	5	4	5	4	6	6	6	5
14A) BR2_ATGGATC	6	5	5	5	4	4	5	6	5	6	6	6	4	5	5	5	6	3	5	5	4	5	4	5	5	5	4	4	0	3	3	3	4	4	5	4	5	4
14B) BR2_AGGCTCA	5	5	5	6	5	5	5	6	5	4	5	5	4	5	6	4	5	5	5	6	3	3	4	4	4	6	5	3	0	1	1	3	5	4	5	5	5	
14B) BR2_AGGCTCG	4	4	5	5	5	5	4	6	5	5	5	5	4	5	7	4	5	5	6	5	4	4	4	3	4	6	5	3	1	0	1	4	5	5	5	4	5	
14B) BR2_AGGCTCT	5	5	6	6	5	5	5	7	5	5	5	4	5	5	7	5	4	4	6	6	4	4	4	4	3	5	4	3	1	1	0	4	4	5	5	5	4	
ol-degen-rev_TAGACTA	5	4	5	6	5	5	6	5	6	3	4	4	5	6	5	5	5	5	5	6	3	5	5	5	5	5	5	4	3	4	4	0	3	4	4	4	4	
ol-degen-rev_TGATACT	5	4	7	7	6	4	4	5	6	4	4	3	5	5	6	5	4	4	6	7	5	5	4	5	4	3	4	4	5	5	4	3	0	5	4	5	4	
ol-degen-rev_CAAGTAA	5	5	4	5	5	5	6	5	6	5	6	6	6	6	3	5	5	4	4	5	4	3	4	4	4	5	6	5	4	5	5	4	5	0	1	1	1	
ol-degen-rev_CAAGTAC	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	3	5	5	4	4	5	4	4	3	4	4	6	6	4	5	5	5	4	4	1	0	1	1	
ol-degen-rev_CAAGTAG	4	4	5	4	5	6	5	4	6	6	6	6	6	6	3	4	5	4	4	4	4	4	4	3	4	6	6	5	5	4	5	4	5	1	1	0	1	
ol-degen-rev_CAAGTAT	5	5	5	5	4	6	6	5	6	6	6	5	6	6	3	5	4	3	4	5	4	4	4	3	5	5	5	4	5	5	4	4	4	1	1	1	0	