

2) fwhF2_GCACCTGG	0	5	5	4	5	6	5	4	6	5	5	5	3	3	6	4	3	5	5	4	4	5	5	4	5	4	5	4	6	5	6	5	6	5	5	4	5
2B) fwhF2_AGAGGAG	5	0	4	4	5	5	4	5	7	5	5	5	4	6	6	4	5	6	5	5	4	6	6	5	6	5	4	5	6	5	6	4	5	4	4	3	4
2C) fwhF2_TTAAGGA	5	4	0	1	1	5	6	6	6	6	7	7	4	5	4	6	5	6	4	5	5	5	6	5	6	6	5	5	5	5	6	4	5	5	5	5	
2C) fwhF2_TTAAGGG	4	4	1	0	1	5	6	5	6	7	7	7	4	5	5	6	5	6	5	4	6	6	6	5	6	7	5	5	6	5	6	5	5	6	6	5	6
2C) fwhF2_TTAAGGT	5	5	1	1	0	5	6	6	6	7	7	6	4	5	5	6	4	5	4	4	5	6	6	5	5	6	4	5	6	5	5	5	4	6	6	6	5
8) mlCOIintF_ATTACAC	6	5	5	5	5	0	7	5	3	6	5	6	6	5	4	4	6	5	4	5	5	5	4	5	5	4	7	5	4	5	5	5	4	4	4	5	5
B) mlCOIintF_CCGGATG	5	4	6	6	6	7	0	5	6	6	6	5	4	6	5	3	5	3	6	5	4	5	5	4	4	4	4	4	6	5	6	5	5	7	7	6	6
C) mlCOIintF_AACCCGG	4	5	6	5	6	5	5	0	5	5	5	5	6	4	6	5	4	6	6	5	5	7	7	6	7	5	6	6	7	6	7	5	7	5	5	4	5
14) BF3_CTTCCCC	6	7	6	6	6	3	6	5	0	5	4	5	6	4	5	5	7	4	6	6	6	5	4	5	5	5	6	5	5	5	5	6	6	7	6	7	7
14B) BF3_GGCGCCA	5	5	6	7	7	6	6	5	5	0	1	1	4	5	5	6	5	5	6	7	4	6	6	6	6	4	4	4	4	5	5	5	5	6	7	7	7
14B) BF3_GGCGCCC	5	5	7	7	7	5	6	5	4	1	0	1	4	4	6	6	5	5	7	7	5	7	6	7	7	4	4	4	5	5	5	6	6	7	6	7	7
14B) BF3_GGCGCCT	5	5	7	7	6	6	5	5	5	1	1	0	4	5	6	6	4	4	7	7	5	7	7	7	6	3	3	4	5	5	4	5	5	7	7	7	6
14C) BF3_GGATGGC	3	4	4	4	4	6	4	6	6	4	4	4	0	4	7	6	4	5	5	5	6	6	5	6	6	6	5	4	5	5	5	6	5	5	4	5	5
17) ArF5_GTCCTGC	3	6	5	5	5	5	6	4	4	5	4	5	4	0	5	5	3	4	5	5	6	6	5	6	6	6	6	5	5	5	5	6	5	6	5	6	6
17B) ArF5_TTGCAAA	6	6	4	5	5	4	5	6	5	5	6	6	7	5	0	5	6	5	5	6	5	5	6	6	6	4	5	5	5	6	6	4	3	5	6	6	6
17C) ArF5_CAGTACG	4	4	6	6	6	4	3	5	5	6	6	6	6	5	5	0	5	4	5	4	4	5	4	4	5	4	6	4	5	4	5	4	5	5	4	4	5
2) fwhR2n_GACATGT	3	5	5	5	4	6	5	4	7	5	5	4	4	3	6	5	0	5	4	4	4	6	6	6	5	5	5	4	6	6	5	5	4	5	5	5	4
2B) fwhR2n_CCTGACT	5	6	6	6	5	5	3	6	4	5	5	4	5	4	5	4	5	0	6	6	4	4	3	4	3	3	5	4	5	5	4	4	4	6	5	6	5
2C) fwhR2n_TATTGTA	5	5	4	5	4	4	6	6	6	6	7	7	5	5	5	5	4	6	0	1	4	4	4	4	4	6	4	5	3	4	4	3	6	4	4	4	4
2C) fwhR2n_TATTGTG	4	5	5	4	4	5	5	5	6	7	7	7	5	5	6	4	4	6	1	0	5	5	5	4	5	7	4	5	4	3	4	4	6	5	5	4	4
ol-degen-rev_ACAGCTA	4	4	5	6	5	5	4	5	6	4	5	5	6	6	5	4	4	4	4	5	0	5	5	5	5	4	5	4	6	7	6	3	6	4	4	4	4
ol-degen-rev_CCTTTAA	5	6	5	6	6	5	5	7	5	6	7	7	6	6	5	5	6	4	4	5	5	0	1	1	1	6	6	5	3	4	4	6	5	3	4	4	4
ol-degen-rev_CCTTTAC	5	6	6	6	6	4	5	7	4	6	6	7	5	5	6	4	6	3	4	5	5	1	0	1	1	5	6	4	4	4	4	6	6	4	3	4	4
ol-degen-rev_CCTTTAG	4	5	5	5	5	5	4	6	5	6	7	7	6	6	6	4	6	4	4	4	5	1	1	0	1	6	6	5	4	3	4	6	6	4	4	3	4
ol-degen-rev_CCTTTAT	5	6	6	6	5	5	4	7	5	6	7	6	6	6	6	5	5	3	4	5	5	1	1	1	0	5	5	5	4	4	3	6	5	4	4	4	3
ol-degen-rev_ACGCACT	4	5	6	7	6	4	4	5	5	4	4	3	6	6	4	4	5	3	6	7	4	6	5	6	5	0	5	3	6	6	5	4	4	6	5	6	5
15) BR2_TGCGGTT	5	4	5	5	4	7	4	6	6	4	4	3	5	5	5	6	5	5	4	4	5	6	6	6	5	5	0	3	5	5	4	5	5	7	7	7	6
14A) BR2_CGCAGTC	4	5	5	5	5	5	4	6	5	4	4	4	4	5	5	4	4	4	5	5	4	5	5	5	3	3	0	5	5	5	5	5	5	6	5	6	6
14B) BR2_TGTTTCA	6	6	5	6	6	4	6	7	5	4	5	5	5	5	5	6	5	3	4	6	3	4	4	4	6	5	5	0	1	1	4	5	4	5	5	5	
14B) BR2_TGTTTCG	5	5	5	5	5	5	5	6	5	5	5	5	5	5	6	4	6	5	4	3	7	4	4	3	4	6	5	5	1	0	1	5	6	5	5	4	5
14B) BR2_TGTTTCT	6	6	6	6	5	5	6	7	5	5	5	4	5	5	6	5	5	4	4	4	6	4	4	4	3	5	4	5	1	1	0	5	5	5	5	5	4
ol-degen-rev_TAGACTA	5	4	4	5	5	5	5	5	6	5	6	5	6	6	4	4	5	4	3	4	3	6	6	6	6	4	5	5	4	5	5	0	5	4	4	4	4
ol-degen-rev_GTGAAAT	6	5	5	5	4	4	5	7	6	5	6	5	5	5	3	5	4	4	6	6	6	5	6	6	5	4	5	5	5	6	5	5	0	6	6	6	5
ol-degen-rev_AAATTAA	5	4	5	6	6	4	7	5	7	6	7	7	5	6	5	5	5	6	4	5	4	3	4	4	4	6	7	6	4	5	5	4	6	0	1	1	1
ol-degen-rev_AAATTAC	5	4	5	6	6	4	7	5	6	7	6	7	4	5	6	4	5	5	4	5	4	4	3	4	4	5	7	5	5	5	5	4	6	1	0	1	1
ol-degen-rev_AAATTAG	4	3	5	5	6	5	6	4	7	7	7	7	5	6	6	4	5	6	4	4	4	4	4	3	4	6	7	6	5	4	5	4	6	1	1	0	1
ol-degen-rev_AAATTAT	5	4	5	6	5	5	6	5	7	7	7	6	5	6	6	6	5	4	5	4	4	4	4	3	5	6	6	5	5	5	4	4	5	1	1	1	0
2) fwhF2_GCACCTGG	2B) fwhF2_AGAGGAG	2C) fwhF2_TTAAGGA	2C) fwhF2_TTAAGGG	2C) fwhF2_TTAAGGT	8) mlCOIintF_ATTACAC	B) mlCOIintF_CCGGATG	C) mlCOIintF_AACCCGG	14) BF3_CTTCCCC	14B) BF3_GGCGCCA	14B) BF3_GGCGCCC	14B																										