

1) ZBJ-ArtF1c_GGACAGA	0	3	4	6	5	6	5	7	5	6	7	3	4	6	6	6	4	5	6	4	6	6	5	6	7	4	5	6	5	5	5	4	5	6	4	6	7	6	6	7	6	4	
2) fwhF2_GCAC TGG	3	0	6	5	6	6	4	7	6	4	6	5	3	6	5	7	3	4	6	4	4	5	4	5	6	4	5	7	5	5	4	5	6	5	4	7	7	7	7	7	6	7	
3) LepF1_CGTCGCA	4	6	0	6	6	4	6	6	5	7	6	6	7	3	6	5	6	5	6	3	6	5	7	5	6	4	7	7	6	6	7	3	5	5	4	5	3	6	4	7	4	4	
4) LCO1490_AAGTGGG	6	5	6	0	4	6	4	6	5	3	4	6	4	7	6	6	6	4	5	6	3	5	5	5	4	5	6	6	6	6	4	7	5	3	7	6	6	5	5	4	7	7	
5) ArF5_TGTCGCG	5	6	6	4	0	6	3	5	5	4	5	3	4	5	3	5	5	7	5	7	5	6	6	5	4	6	6	6	6	6	4	7	3	6	7	5	7	4	6	5	6	5	
6) BF1_CTCCGAC	6	6	4	6	6	0	6	4	5	7	5	6	6	3	6	4	3	6	6	4	6	6	6	7	7	4	6	5	7	7	6	5	7	3	5	5	4	7	4	6	5	7	
7) mlCOIintF_TGCTTGG	5	4	6	4	3	6	0	7	3	5	5	4	4	7	5	7	4	6	3	6	3	6	4	4	6	6	7	5	7	5	5	7	3	6	7	4	7	6	7	7	4	5	
8) mlCOIintF_ATTACAC	7	7	6	6	5	4	7	0	7	5	3	5	6	3	4	5	5	7	6	7	4	5	6	6	5	5	6	6	5	7	4	6	7	4	7	7	5	5	6	3	6	5	
9) mlCOIintF-XT_CGCTATG	5	6	5	5	5	5	3	7	0	6	6	5	6	6	7	5	6	6	3	6	5	5	6	4	6	7	6	5	6	6	6	4	4	6	5	4	6	6	5	7	4	4	
10) LCO1490_ACGGCGG	6	4	7	3	4	7	5	5	6	0	6	6	6	6	3	5	6	5	6	6	4	5	6	5	3	6	4	6	3	6	3	6	6	4	6	6	6	5	5	4	7	7	
11) MZplankF2_AATTTAC	7	6	6	4	5	5	5	3	6	6	0	6	3	5	5	6	5	6	4	7	3	6	5	5	5	6	6	5	6	5	7	6	5	5	7	7	6	6	7	4	6	6	
12) MhemF_TGAAAGC	3	5	6	6	3	6	4	5	5	6	6	0	4	6	4	5	5	6	6	7	6	5	5	5	7	6	6	5	6	5	5	6	5	7	5	5	7	5	7	6	5	3	
13) MLepF1_GAATTGC	4	3	7	4	4	6	4	6	6	6	3	4	0	6	5	6	3	4	5	6	4	5	3	6	6	5	6	6	6	4	5	7	5	7	6	7	7	6	7	6	6	7	
14) BF3_CTTCCCC	6	6	3	7	5	3	7	3	6	6	5	6	6	0	4	3	4	6	7	5	5	4	7	5	5	4	7	7	6	7	5	4	7	5	4	7	3	6	5	6	5	6	
15) BF2_TCTGCGC	6	5	6	6	3	6	5	4	7	3	5	4	5	4	0	5	5	6	7	6	5	6	6	4	5	5	5	5	4	5	5	5	5	6	7	6	5	5	5	6	6	7	5
16) Il1_B_F_CTGGACC	6	7	5	6	5	4	7	5	5	5	6	5	6	3	5	0	5	5	7	6	6	5	7	5	5	6	4	5	6	6	5	5	6	5	4	6	3	6	3	6	5	6	
17) ArF5_GTCCTGC	4	3	6	6	5	3	4	5	6	6	5	5	3	4	5	5	0	6	5	4	4	7	3	7	7	3	6	6	7	6	4	5	7	5	7	6	7	6	7	5	7		
8) RonMWASpdeg_GAAGGCG	5	4	5	4	7	6	6	7	6	5	6	6	4	6	6	5	6	0	7	4	6	3	5	5	6	5	5	5	5	4	5	7	7	5	5	5	4	6	5	6	6	7	
9) AcientLepF3_AGCTTTT	6	6	6	5	5	6	3	6	3	6	4	6	5	7	7	7	5	7	0	6	4	7	4	6	4	6	6	5	5	5	7	6	3	6	6	3	6	6	6	5	3	5	
20) LCO1490_GCCCGCA	4	4	3	6	7	4	6	7	6	6	7	7	6	5	6	6	4	4	6	0	7	6	5	5	5	4	5	6	5	6	6	4	6	5	4	5	5	6	5	7	5	6	
21) dgLCO1490_ATTTTGG	6	4	6	3	5	6	3	4	5	4	3	6	4	5	5	6	4	6	4	7	0	6	5	4	5	4	7	7	6	6	4	6	5	4	7	7	5	7	6	6	6	6	
1) ZBJ-ArtR2c_CAAACCG	6	5	5	5	6	6	6	5	5	5	6	5	5	4	6	5	7	3	7	6	6	0	5	5	5	7	7	6	5	5	4	6	7	6	4	7	5	4	6	4	4	6	
2) fwhR2n_GACATGT	5	4	7	5	6	6	4	6	6	6	5	5	3	7	6	7	3	5	4	5	5	5	0	7	6	4	5	4	7	5	4	7	6	7	6	5	6	5	7	4	3	6	
3) MLepF1-Rev_TCTTACG	6	5	5	5	5	7	4	6	4	5	5	5	6	5	4	5	7	5	6	5	4	5	7	0	4	6	5	5	6	6	6	4	5	6	4	6	5	6	7	7	6	4	
4) 230_R_ACGTCCT	7	6	6	4	4	7	6	5	6	3	5	7	6	5	5	5	7	6	4	5	5	5	6	4	0	6	4	6	4	7	5	6	5	5	4	6	5	5	6	3	5	7	
5) ArR5_GTTTCGGT	4	4	4	5	6	4	6	5	7	6	6	6	5	4	5	6	3	5	6	4	4	7	4	6	6	0	5	6	7	7	4	5	7	4	5	5	3	7	5	6	6	6	
6) BR2_GCGGAAT	5	5	7	6	6	6	7	6	6	4	6	6	6	7	5	4	6	5	6	5	7	7	5	5	4	5	0	3	5	6	5	5	6	5	4	5	5	6	5	4	6	6	
7) jgHCO2198_TACGAAT	6	7	7	6	6	5	5	6	5	6	5	5	6	7	5	5	6	5	5	6	7	6	4	5	6	6	3	0	6	4	7	6	6	6	5	3	5	5	6	4	5	5	
Fol-degen-rev_ACAGCTA	5	5	6	6	6	7	7	5	6	3	6	6	6	6	4	6	7	5	5	5	6	5	7	6	4	7	5	6	0	3	6	4	5	6	5	5	6	4	4	5	7	5	
9) jgHCO2198_TAAGTTA	5	5	6	6	6	7	5	7	6	6	5	5	4	7	5	6	6	4	5	6	6	5	6	7	7	6	4	3	0	7	5	3	7	6	4	6	3	4	6	6	4		
10) Il1_C_R_GTGACGG	5	4	7	4	4	6	5	4	6	3	7	5	5	5	5	5	4	5	7	6	4	4	4	6	5	4	5	7	6	7	0	7	6	4	7	7	6	4	5	4	6	6	
11) C_LepFolR_CCTCATA	4	5	3	7	7	5	7	6	4	6	6	6	7	4	5	5	6	7	6	4	6	6	7	4	6	5	5	6	4	5	7	0	5	6	3	6	5	5	4	7	6	3	
12) dgHCO2198_TGGTTTA	5	6	5	5	3	7	3	7	4	6	5	5	5	7	6	6	6	7	3	6	5	7	6	5	5	7	6	6	5	3	6	5	0	6	7	4	7	3	4	6	5	3	
13) C_LepFolR_ATGCGAG	6	5	5	3	6	3	6	4	6	4	5	7	7	5	7	5	5	5	6	5	4	6	7	6	5	4	5	6	6	7	4	6	6	0	6	6	5	6	4	4	7	7	
14) BR2_CCACACT	4	4	4	7	7	5	7	7	5	6	7	5	6	4	6	4	6	5	6	4	7	4	4	5	4	4	5	5	6	7	3	7	6	0	6	4	7	6	6	4	6		
15) BR2_TGCGGTT	6	7	5	6	5	5	4	7	4	6	7	5	7	7	5	6	6	5	3	5	7	7	5	6	6	5	5	3	5	4	7	6	4	6	6	0	4	5	4	6	4	4	
16) HCO2198_CTTGGCT	7	7	3	6	7	4	7	5	6	6	6	7	7	3	5	3	6	4	6	5	5	5	6	5	5	3	5	5	6	6	5	7	5	4	4	0	7	3	6	4	6		
Fol-degen-rev_TAGACTA	6	7	6	5	4	7	6	5	6	5	6	6	6	5	6	7	6	6	6	7	4	5	6	5	7	6	5	4	3	4	5	3	6	7	5	7	0	4	3	6	3		
18) C_LepFolR_CTGGGTA	6	7	4	5	6	4	7	6	5	5	7	7	7	5	6	3	6	5	6	5	6	6	7	7	6	5	5	6	4	4	5	4	4	4	6	4	3	4	0	6	6	5	
19) C_LepFolR_AAGACAT	7	7	7	4	5	6	7	3	7	4	4	6	6	6	6	7	6	5	7	6	4	4	7	3	6	4	4	5	6	4	7	6	4	6	6	6	3	6	0	5	6		
20) HCO2198_CGCATCT	6	6	4	7	6	5	4	6	4	7	6	5	6	5	7	5	5	6	3	5	6	4	3	6	5	6	6	5	7	6	6	6	5	7	4	4	4	6	6	5	0	5	
21) dgHCO2198_TGTAATA	4	7	4	7	5	7	5	5	4	7	6	3	7	6	5	6	7	7	5	6	6	6	6	4	7	6	6	5	5	4	6	3	3	7	6	4	6	3	5	6	5	0	
1) ZBJ-ArtF1c_GGACAGA																																											
2) fwhF2_GCAC TGG																																											
3) LepF1_CGTCGCA																																											
4) LCO1490_AAGTGGG																																											
5) ArF5_TGTCGCG																																											
6)																																											