

1) ZBJ-ArtF1c_GGACAGA	0	3	4	6	4	5	5	5	5	5	6	3	4	6	6	5	4	5	6	4	6	5	3	6	6	4	5	5	4	5	3	4	5	5	4	5	7	4	6	4	5	4
2) fwhF2_GCACTGG	3	0	6	4	5	5	3	6	4	4	6	5	3	6	5	6	3	4	5	4	4	5	3	5	6	4	5	6	4	5	3	5	6	5	4	5	5	5	6	6	4	5
3) LepF1_CGTCGCA	4	6	0	5	3	4	5	5	5	4	6	5	5	3	4	4	4	5	6	3	6	5	6	5	3	4	5	5	5	6	5	3	5	5	4	5	3	5	4	6	4	4
4) LCO1490_AAGTGGG	6	4	5	0	4	6	4	6	5	3	4	6	4	7	5	6	6	3	5	6	3	5	5	5	4	5	6	6	5	4	4	7	5	3	7	5	5	5	5	4	7	6
5) ArF5_TGGTCGC	4	5	3	4	0	5	3	5	5	4	5	3	4	5	3	3	4	5	5	4	5	6	6	4	4	4	6	6	6	5	4	6	3	5	6	5	5	4	5	5	5	5
6) BF1_CTCCGAC	5	5	4	6	5	0	6	4	5	5	5	5	6	3	3	3	3	6	6	4	6	5	6	4	5	4	5	4	5	6	5	4	7	3	4	5	4	5	4	6	5	6
7) mlCOIintF_TGCTTGG	5	3	5	4	3	6	0	7	3	5	5	4	4	6	4	6	4	5	3	5	3	6	4	3	6	4	6	5	6	5	4	6	3	4	7	4	4	5	5	6	4	5
8) mlCOIintF_ATTACAC	5	6	5	6	5	4	7	0	6	5	3	4	5	3	4	4	5	6	6	6	4	5	6	4	5	5	6	5	5	6	4	5	6	4	4	7	5	5	6	3	6	5
9) mlCOIintF-XT_CGCTATG	5	4	5	5	5	5	3	6	0	5	6	5	5	6	5	5	5	6	3	6	5	5	4	4	5	5	4	5	4	6	5	3	4	4	5	4	6	5	5	5	3	4
10) LCO1490_ACGGCGG	5	4	4	3	4	5	5	5	5	0	6	6	6	6	3	5	6	3	6	5	4	5	5	5	3	5	4	5	3	6	3	6	6	3	6	5	5	5	5	4	6	7
11) MZplankF2_AATTTAC	6	6	6	4	5	5	5	3	6	6	0	6	3	5	5	5	5	6	4	7	3	6	5	4	5	6	6	5	4	3	6	5	4	5	6	7	5	5	6	4	6	5
12) MhemF_TGAAAGC	3	5	5	6	3	5	4	4	5	6	6	0	3	6	4	4	5	3	6	5	6	4	4	5	7	6	5	5	5	5	4	6	5	4	5	5	6	5	6	5	5	3
13) MLepF1_GAATTGC	4	3	5	4	4	6	4	5	5	6	3	3	0	6	5	6	3	3	5	5	4	5	3	5	5	5	6	6	6	4	5	7	5	6	6	6	5	5	7	6	5	5
14) BF3_CTTCCCC	6	6	3	7	5	3	6	3	6	6	5	6	6	0	4	3	4	6	6	5	5	4	7	4	4	4	7	6	6	7	5	4	7	5	4	6	3	6	5	6	5	6
15) BF2_TCTGCGC	6	5	4	5	3	3	4	4	5	3	5	4	5	4	0	4	4	5	6	4	5	6	6	3	5	5	5	5	4	5	4	5	6	4	5	5	4	5	4	6	5	5
16) I11_B_F_CTGGACC	5	6	4	6	3	3	6	4	5	5	5	4	6	3	4	0	5	5	7	5	6	4	7	4	5	6	4	5	6	6	4	5	5	4	4	5	3	4	3	5	4	5
17) ArF5_GTCCTGC	4	3	4	6	4	3	4	5	5	6	5	5	3	4	4	5	0	5	5	3	4	6	3	4	4	3	6	6	6	6	4	5	6	5	6	5	5	6	6	6	5	5
8) RonMWASpdeg_GAAGGCG	5	4	5	3	5	6	5	6	6	3	6	3	3	6	5	5	5	0	7	4	6	3	4	5	5	5	5	5	5	4	4	7	7	4	5	5	4	5	5	4	5	6
9) AcientLepF3_AGCTTTT	6	5	6	5	5	6	3	6	3	6	4	6	5	6	6	7	5	7	0	6	4	7	4	5	4	5	5	5	5	5	7	5	3	5	6	3	5	5	6	5	3	5
20) LCO1490_GCCCGCA	4	4	3	6	4	4	5	6	6	5	7	5	5	5	4	5	3	4	6	0	7	6	5	5	5	4	4	5	4	6	5	4	6	5	4	5	5	6	5	6	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	5	4	6	5	4	7	6	5	6	6	6	6	
1) ZBJ-ArtR2c_CAAACCG	5	5	5	5	6	5	6	5	5	5	6	4	5	4	6	4	6	3	7	6	6	0	5	4	5	6	6	6	5	5	4	6	7	5	4	7	5	4	6	4	4	6
2) fwhR2n_GACATGT	3	3	6	5	6	6	4	6	4	5	5	4	3	7	6	7	3	4	4	5	5	5	0	6	4	4	5	4	4	5	4	5	6	6	4	5	5	5	6	4	3	5
3) MLepF1-Rev_TCTTACG	6	5	5	5	4	4	3	4	4	5	4	5	5	4	3	4	4	5	5	5	4	4	6	0	4	5	5	5	6	5	4	4	5	5	4	6	4	5	6	6	5	4
4) 230_R_ACGTCCT	6	6	3	4	4	5	6	5	5	3	5	7	5	4	5	5	4	5	4	5	5	4	4	0	5	4	4	4	5	5	4	4	5	5	4	5	4	5	6	3	4	5
5) ArR5_GTTCCGGT	4	4	4	5	4	4	4	5	5	5	6	6	5	4	5	6	3	5	5	4	4	6	4	5	5	0	4	4	6	5	3	5	6	4	5	3	3	6	4	6	5	6
6) BR2_GCGGAAT	5	5	5	6	6	5	6	6	4	4	6	5	6	7	5	4	6	5	5	4	7	6	5	5	4	4	0	3	5	6	5	5	5	5	4	3	5	5	5	4	4	4
7) jgHCO2198_TACGAAT	5	6	5	6	6	4	5	5	5	5	5	6	6	5	5	6	5	5	5	7	6	4	5	4	4	3	0	5	4	5	5	5	5	4	4	3	5	3	5	3	5	4
Fol-degen-rev_ACAGCTA	4	4	5	5	6	5	6	5	4	3	4	5	6	6	4	6	6	5	5	4	6	5	4	6	4	6	5	5	0	3	6	4	5	4	4	5	5	3	4	4	4	5
9) jgHCO2198_TAAGTTA	5	5	6	4	5	6	5	6	6	6	3	5	4	7	5	6	6	4	5	6	5	5	5	5	5	6	4	3	0	6	5	3	5	6	4	5	3	4	4	6	4	
10) I11_C_R_GTGACGG	3	3	5	4	4	5	4	4	5	3	6	4	5	5	4	4	4	4	7	5	4	4	4	4	5	3	5	5	6	6	0	6	6	3	6	4	5	4	5	4	6	5
11) C_LepFolR_CCTCATA	4	5	3	7	6	4	6	5	3	6	5	6	7	4	5	5	5	7	5	4	6	6	5	4	4	5	5	5	4	5	6	0	5	6	3	6	5	5	4	5	4	3
12) dgHCO2198_TGGTTTA	5	6	5	5	3	7	3	6	4	6	4	5	5	7	6	5	6	7	3	6	5	7	6	5	5	6	5	5	3	6	5	0	6	7	3	5	3	3	6	5	3	
13) C_LepFolR_ATGCGAG	5	5	5	3	5	3	4	4	4	3	5	4	6	5	4	4	5	4	5	5	4	5	6	5	5	4	5	4	4	5	3	6	6	0	6	4	5	5	4	4	6	5
14) BR2_CCACACT	4	4	4	7	6	4	7	4	5	6	6	5	6	4	5	4	6	5	6	4	7	4	4	4	4	4	5	4	4	6	6	3	7	6	0	6	4	4	6	4	3	6
15) BR2_TGCGGTT	5	5	5	5	5	5	4	7	4	5	7	5	6	6	5	5	5	3	5	6	7	5	6	5	3	3	3	5	4	4	6	3	4	6	0	4	5	3	6	4	4	
16) HCO2198_CTTGGCT	7	5	3	5	5	4	4	5	6	5	5	6	5	3	4	3	5	4	5	5	5	5	5	4	4	3	5	5	5	5	5	5	5	4	4	0	4	3	5	4	6	
Fol-degen-rev_TAGACTA	4	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	6	5	4	6	5	5	6	6	4	5	5	5	6	5	3	3	3	4	5	3	5	4	5	4	0	4	3	5	3	
18) C_LepFolR_CTGGGTA	6	6	4	5	5	4	5	6	5	5	6	6	7	5	4	3	6	5	6	5	6	6	6	6	6	6	4	5	5	4	3	3	4	6	3	3	4	0	6	5	4	
19) C_LepFolR_AAGACAT	4	6	6	4	5	6	6	3	5	4	4	5	6	6	6	5	6	4	5	6	6	4	4	6	3	6	4	3	4	4	4	5	6	4	4	6	5	3	6	0	5	5
20) HCO2198_CGCATCT	5	4	4	7	5	5	4	6	3	6	6	5	5	5	5	4	5	5	3	5	6	4	3	5	4	5	4	5	4	6	6	4	5	6	3	4	4	5	5	5	0	5
21) dgHCO2198_TGTAATA	4	5	4	6	5	6	5	5	4	7	5	3	5	6	5	5	6	5	6	6	6	5	4	5	6	4	4	5	4	5	3	3	5	6	4	6	3	4	5	5	0	
1) ZBJ-ArtF1c_GGACAGA																																										
2) fwhF2_GCACTGG																																										
3) LepF1_CGTCGCA																																										
4) LCO1490_AAGTGGG																																										
5) ArF5_TGGTCGC																																										
6) BF1_CTCCGAC																																										