

2) fwhF2_GCACCTGG	0	4	5	5	5	6	4	5	6	6	6	6	4	3	5	4	3	5	5	4	4	4	4	3	4	6	5	6	5	4	5	5	5	6	6	5	6
2B) fwhF2_TGATGGG	4	0	4	3	4	6	5	4	7	6	6	6	6	5	5	4	5	5	5	4	6	5	5	4	5	4	4	6	5	4	5	5	5	5	5	4	5
2C) fwhF2_CGGGGGA	5	4	0	1	1	7	5	6	6	5	6	6	7	6	4	6	6	7	3	4	5	5	6	5	6	4	4	6	3	4	4	5	6	6	7	7	7
2C) fwhF2_CGGGGGG	5	3	1	0	1	7	5	5	6	6	6	6	7	6	5	5	6	7	4	3	6	6	6	5	6	4	4	6	4	3	4	6	6	7	7	6	7
2C) fwhF2_CGGGGGT	5	4	1	1	0	7	5	6	6	6	6	5	7	6	5	6	5	6	4	4	6	6	6	5	5	3	3	6	4	4	3	6	5	7	7	7	6
8) mlCOIintF_ATTACAC	6	6	7	7	7	0	6	4	3	5	4	5	5	5	3	4	6	4	7	7	5	5	4	5	5	5	7	4	5	6	6	5	5	4	3	4	4
B) mlCOIintF_GCGTATG	4	5	5	5	5	6	0	4	6	6	6	5	4	5	6	4	4	5	4	4	5	4	4	3	3	5	4	5	4	3	4	5	4	5	5	4	5
C) mlCOIintF_ATTTAGG	5	4	6	5	6	4	4	0	5	6	6	6	6	5	4	4	5	5	7	6	6	6	5	6	5	6	5	7	6	7	6	6	4	4	3	4	
14) BF3_CTTCCCC	6	7	6	6	6	3	6	5	0	5	4	5	5	4	5	6	7	4	5	5	6	6	5	6	6	6	6	3	5	5	5	6	7	6	5	6	6
14B) BF3_AACGCCA	6	6	5	6	6	5	6	6	5	0	1	1	5	6	4	6	5	4	4	5	3	4	4	4	4	5	5	5	5	6	6	4	6	5	6	6	6
14B) BF3_AACGCCC	6	6	6	6	6	4	6	6	4	1	0	1	5	5	5	6	5	4	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	6	6	6	5	6	6	5	6	6
14B) BF3_AACGCCT	6	6	6	6	5	5	5	6	5	1	1	0	5	6	5	6	4	3	4	4	4	5	5	5	4	4	4	5	6	6	5	4	5	6	6	6	5
14C) BF3_GCAAACC	4	6	7	7	7	5	4	6	5	5	5	5	0	5	7	4	5	4	6	6	5	5	5	6	6	6	6	5	5	5	5	5	4	6	5	6	6
17) ArF5_GTCCTGC	3	5	6	6	6	5	5	5	4	6	5	6	5	0	6	7	3	4	5	4	6	4	3	4	4	5	5	3	6	6	6	6	6	6	5	6	6
17B) ArF5_ATTGGAA	5	5	4	5	5	3	6	4	5	4	5	5	7	6	0	5	6	5	5	6	4	4	5	5	5	5	5	5	6	5	6	6	5	4	4	5	5
17C) ArF5_CAATAAG	4	4	6	5	6	4	4	4	6	6	6	6	4	7	5	0	5	5	6	5	5	4	5	4	5	6	7	5	4	4	5	5	4	3	4	3	4
2) fwhR2n_GACATGT	3	5	6	6	5	6	4	5	7	5	5	4	5	3	6	5	0	4	5	4	4	6	6	6	5	4	5	5	5	5	4	5	5	4	4	4	3
2B) fwhR2n_GATTCTT	5	5	7	7	6	4	5	5	4	4	4	3	4	4	5	5	4	0	6	6	5	6	6	6	6	4	6	5	5	5	4	5	6	5	4	5	4
2C) fwhR2n_CGCCGTA	5	5	3	4	4	7	4	7	5	4	5	4	6	5	5	6	5	6	0	1	4	4	4	4	4	5	3	3	4	5	5	4	5	6	6	6	6
2C) fwhR2n_CGCCGTG	4	4	4	3	4	7	4	6	5	5	5	4	6	4	6	5	4	6	1	0	5	5	5	4	4	5	3	3	5	4	5	5	6	7	7	6	7
ol-degen-rev_ACAGCTA	4	6	5	6	6	5	5	6	6	3	4	4	5	6	4	5	4	5	0	3	3	3	3	3	4	5	5	4	5	5	3	4	5	5	5	5	
ol-degen-rev_TCGCTAA	4	5	5	6	6	5	4	6	6	4	5	5	5	4	4	4	6	6	4	5	3	0	1	1	1	6	4	5	4	5	5	3	4	3	4	4	4
ol-degen-rev_TCGCTAC	4	5	6	6	6	4	4	6	5	4	4	5	5	3	5	5	6	6	4	5	3	1	0	1	1	5	4	4	5	5	5	3	4	4	3	4	4
ol-degen-rev_TCGCTAG	3	4	5	5	5	5	3	5	6	4	5	5	6	4	5	4	6	6	4	4	3	1	1	0	1	6	4	5	5	4	5	3	4	4	4	3	4
ol-degen-rev_TCGCTAT	4	5	6	6	5	5	3	6	6	4	5	4	6	4	5	5	5	6	4	4	3	1	1	1	0	5	3	4	5	5	4	3	3	4	4	4	3
ol-degen-rev_AGGTGCT	6	4	4	4	3	5	5	5	6	5	5	4	6	5	5	6	4	4	5	5	4	6	5	6	5	0	4	6	4	4	3	5	6	6	5	6	5
15) BR2_TGCGGTT	5	4	4	4	3	7	4	6	6	5	5	4	6	5	5	7	5	6	3	3	5	4	4	4	3	4	0	5	5	5	4	5	4	6	6	6	5
14A) BR2_CTCCATC	6	6	6	6	6	4	5	5	3	5	5	5	5	3	6	5	5	5	3	3	5	5	4	5	4	6	5	0	4	4	4	5	5	5	4	5	5
14B) BR2_CGGATCA	5	5	3	4	4	5	4	7	5	5	6	6	5	6	5	4	5	5	4	5	4	4	5	5	5	4	5	4	0	1	1	4	5	4	5	5	5
14B) BR2_CGGATCG	4	4	4	3	4	6	3	6	5	6	6	6	5	6	6	4	5	5	5	4	5	5	5	4	5	4	5	4	1	0	1	5	5	5	5	4	5
14B) BR2_CGGATCT	5	5	4	4	3	6	4	7	5	6	6	5	5	6	6	5	4	4	5	5	5	5	5	4	3	4	4	1	1	0	4	4	5	5	5	4	4
ol-degen-rev_TAGACTA	5	5	5	6	6	5	5	6	6	4	5	4	5	6	5	5	5	5	4	5	3	3	3	3	3	5	5	5	4	5	4	0	3	3	3	3	3
ol-degen-rev_TCAGAAT	5	5	6	6	5	5	4	6	7	6	6	5	4	6	4	4	5	6	5	6	4	4	4	4	3	6	4	5	5	5	4	3	0	4	4	4	3
ol-degen-rev_TATATAA	6	5	6	7	7	4	5	4	6	5	6	6	6	6	4	3	4	5	6	7	5	3	4	4	4	6	6	5	4	5	5	3	4	0	1	1	1
ol-degen-rev_TATATAC	6	5	7	7	7	3	5	4	5	6	5	6	5	5	5	4	4	4	6	7	5	4	3	4	4	5	6	4	5	5	5	3	4	1	0	1	1
ol-degen-rev_TATATAG	5	4	7	6	7	4	4	3	6	6	6	6	6	6	5	3	4	5	6	6	5	4	4	3	4	6	6	5	5	4	5	3	4	1	1	0	1
ol-degen-rev_TATATAT	6	5	7	7	6	4	5	4	6	6	6	5	6	6	5	4	3	4	6	7	5	4	4	4	3	5	5	5	5	5	4	3	3	1	1	1	0