

Sequence_Id	Sequence_Name	Region	Primer_Sequence (5' to 3')	Primer Sequence (for nested PCR) (5' to 3')
1	FLI_CHR11_F FLI_CHR11_R	chr11:92,869,695-92,870,491	TGTATGAGTATGTTTAGTGT CTACTATCTTTTTATTATCTATACCC	TATATGGGGGAGGAGTTAAGATGGT CACCCCTTTCTTAACTCAAAAAA
2	FL_CHR7_F FL_CHR7_R	chr7:34,945,686-34,946,552	GAATATATGAGTAAATGAAGGATGT TACCCCAAAAAATAAAACT	TTTTATTAGGGAGTGTAGATAGTGGG TATTAATACCCCTCCCAACCTC
3	FL_CHR8_F FL_CHR8_R	chr8:98,307,662-98,308,329	TTGGTATTTGTAAGAAATTAGGGA CTTACACTTCCCAATAAAACAA	TGATTTTTGTATTTTTATTTGAGGTAT ATAAAACAATACCTCACCTACTTC
4	FL_CHR19_F FL_CHR19_R	chr19:35,351,062-35,351,674	AAGATATTTATTTAAGGAGGAG ACCTAATCAAACCTAAACAATAAC	GGTGATTTTTGTATTTTTAGTTGAGGTAT AAAAAACTCCCTAACCCCTTAC
5	FL_CHRX_F FL_CHRX_R	chrX:17,366,059-17,366,763	GGTGGGAGTGATTTAATTTTTTA ACTTTATTTATACAACCTCTATTTC	GAAAGGGAATTTTTGATTTTTTTG AAAACACTCTAATCTATAACTCCCAAC
6	FL_CHR1_F FL_CHR1_R	chr1:90,218,123-90,218,684	TTTGGTTGTTTTGTTTATTTAAGT ATCTCTTAATACCTTAACC	TTAAGTAAGTTTGGGTAATGGTGGG AAAAAATCAAAAAATTCCTTTCC
7	FL_CHR6_F FL_CHR6_R	chr6:123,793,104-123,793,890	GGAAGGATAAATAGTTAATAAAGG CCCAAAATAAAACCTACAAAA	TTATTAGGGAATGTAGATAGTGGG TTTCTAAAAAACCTAAACAATAAC
8	LTR_CHR11_F LTR_CHR11_R	chr11:5,829,621-5,830,339	TTGTAATATTTTTATATTGGG AAAAAATCTTCAATCATCCT	TTGTTGGAGGTTTTTTGATTTTTTT ATCCAATCTATAATTCTATAATCACCTCAT
9	LTR_CHR1_F LTR_CHR1_R	chr1:89,663,480-89,664,077	AAATTTTTGTTTTTTGGAGTTTTA TAACTCTCCCTTAACTAAAA	TTTTAATTTTATTATAAGGTGATAGAAG TAAATACTATAACAAACCATAACC
10	LTR_CHR6_F LTR_CHR6_R	chr6:26,924,100-26,924,635	AAGTTTTTTAAAGTTTTTATTAG ACCTACCATACTAAAACCT	
11	LTR26C_CHR19_F LTR26C_CHR19_R	chr19:11,848,508-11,850,380	AGGTTGAAGATTTTATAAGGGAA TAAAACCCACACTAACTTTT	TTTTATTTTTAAATTTTTTAGGGAGG ATCTACAAATCCCAATACCCCTAAC
12	AluSc_F AluSc_R	chr15:80,352,853-80,353,500	AGTTGTAATTAGTTGTGAGGAAGT CCCTAAAACCTCAAAAAA	TTGTAATTTTAGTATTTTGGGAGGT AAAAAAATTTAATCCTATTTCTC
13	AluSc2_F AluSc2_R	chr12:11,667,503-11,668,057	TTTTGAGTGTTTTTGGTTTTGGA TTTCTCTATTTTCAACTATTACC	TTTTTATGTTAAGAATAGTTTTGGT TAAATAAAATCTCTCTCTATCACC
14	MIR_F MIR_R	chr8:145,157,891-145,158,610	GAGGAGTAAGAAATATAAG RAAACCCAAAATTAACCCCT	AGTTTTGTAAAGTAGGTTTAGTGGTTTT CCACCTAAATACCCTTAAACAATATATTT
15	MIR2_F MIR2_R	chr19:47,905,568-47,906,031	GGATAGAGATTTGGAAAATTGA AAACAAATTAACAACACACACC	TGGAAAATTGAGAATTTAAGGGATTTATA AACACACCCTCACTCCAAAACCTTC
16	LTR26E_CHR19_F LTR26E_CHR19_R	chr19:12,510,921-12,511,712	TTTTGGAAAGAAAGAAGGGAT CATTCTACTAAATAAACTCC	AATTCAAAATCTAAAACCTCCRAC
17	LTR26E_CHR1_F LTR26E_CHR1_R	chr1:245,287,681-245,288,390	AGGATTAAGAAGAATTTTGGGA CTATAAAACACAACAACTTAACC	AGAAATATAGTTGTAAGTAAG AAATCCATCTCCCTAAAAA
18	L2b_CHR9_F L2b_CHR9_R	chr9:137,028,161-137,028,803	ATATTTTGTAGTTATTTTTGA ACACCCAAATCCAATCCAAA	ATTTTTTTTAGAATTTAGGG CCCAAAACCTATACAAAAA
19	L2b_CHR8_F L2b_CHR8_R	chr8:141,097,083-141,098,123	GGAGTATAGATGGAATATTAATAG CACAACTAATACAAAACCCAAA	TTGTTTAGGTTAAAATTTAAAGATATTT TACAAAACCCAAAATAATACCAC
20	AluY_CHR1_F AluY_CHR1_R	chr1:202,975,549-202,976,334	TATTTTGTAAAGTTTAGGGGTGT CCCACACCTATATTAATAAAA	GTGTTTTTTTTGTTTGTGGT TTCTTCTAATAACTCTCT
21	LSUrRNAHsa_F LSUrRNAHsa_R	chr9:79,186,495-79,187,160	AGTTTTTTATTGGGATGGTATGT CCCTTCTTTTTTCTTTTTTC	TTTTTTAATAAATGAGATGGGG