Supplementary Table 2

Gene	Forward primer sequence	Reverse primer sequence	Alignment length (Coding)
Adh	GCNGGNNTGGGNGGNATTG	GGACCCCGTCAACTGGACCAAG	672
Amyrel	GTAAATNGGNNCCACGCGAAG	GCATTTGTACCGTTTGTGTCGTTATCG	1488
Ddc	AGNCCCAAGTTNCATGCCTANNTTCC	ACCCAGCTGGGNTCCTTNAGCCACAT	669
esc	CCGGATGAGGTHTTYTACACCTG	TCNGGRAARTGYTTGGTMAYYGTGGG	434
Gpdh	GTTCTAGATCTGGTTGAGGCTGCCAAGAA	ACATATGCTCTAGATGATTGCGTATGCA	744
ksr	CAGGAYATGATTGAWCTCTCKGC	CCCASGAGTCCCAGTGCCAYTGNTC	473
Pgi	AACGAGTTGATRTCCCAAATGATKCC	CAGGAGACCATYACGAACGCCAC	772
Tpi	TCTTGGCCAGYTCCTTGGCRTTGGC	GTKGGWGGCAACTGGAAGATGAA	625
Xdh	GCGCCSGGTGGCATGATHGCCTATCG	GCCTNCKYSACRTYRCCCTTG	653