

RAPD 자료에 근거한 태백제비꽃군의 분류학적 연구

구자춘 · 탁효진 · 황성수*

전북대학교 과학교육학부

Taxonomic study of *Viola albida* complex based on RAPD data

Ja Choon Koo, Hyo Jin Tak and Sung Soo Whang*

Division of Science Education, Chonbuk National University, Jeonju 561-756, Korea

(Received 25 May 2010 : Accepted 21 June 2010)

적 요: 태백제비꽃군내 태백제비꽃, 단풍제비꽃 그리고 남산제비꽃의 대표적인 개체들을 대상으로 RAPD 방법을 사용하여 분류학적 연구를 시도하였다. 7개의 OTU와 68개의 primers를 사용하여 얻은 증폭된 자위 (amplified loci)의 숫자는 모두 476개 이었다. Nei의 유전적 비유사도 지수가 남산제비꽃 개체들에서는 0.051로, 태백제비꽃 개체들은 0.118-0.171로 비교적 낮게 나타난 반면, 단풍제비꽃 개체들은 0.348로 나타나서 상기의 두 종보다 높게 나타났다. 한편, 태백제비꽃 개체들과 단풍제비꽃 개체들, 태백제비꽃 개체들과 남산제비꽃 개체들 그리고 단풍제비꽃 개체들과 남산제비꽃 개체들 사이의 유전적 비유사성은 전체적으로 0.214-0.463의 범주로 나타나서 분류군간 뚜렷한 특징을 나타내지 않았다. 유집분석에서 조사된 개체들의 유사도는 비교적 높게 나타나서 종내 복합체 설정을 지지하였으며, 두 개의 집단으로 유집되었다. 그러나 단풍제비꽃 개체들은 태백제비꽃 또는 남산제비꽃 집단에 각각 유집되어 형태적 변이와 함께 유전적 다양성도 높은 것으로 확인되었다.

주요어: 태백제비꽃군, RAPD, 유전적 비유사도, 유사도 유집분석

ABSTRACT: A taxonomic study of *Viola albida* complex, containing the representative individuals of three taxa, *V. albida* var. *albida*, *V. albida* var. *chaerophylloides*, and *V. albida* var. *takahashii*, was done based on RAPD data. The amplified loci were 476 in total; obtained with 68 universal primers on seven OTUs. Nei's genetic dissimilarity appeared relatively low within individuals of *V. albida* var. *albida* and *V. albida* var. *chaerophylloides* (0.118-0.171 and 0.051 respectively), however, it was higher in individuals of *V. albida* var. *takahashii* (0.348). On the other hand, there is no specific trend in terms of genetic dissimilarity among taxa, such as between individuals of *V. albida* var. *albida* and *V. albida* var. *takahashii*, between those of *V. albida* var. *albida* and *V. albida* var. *chaerophylloides*, and between those of *V. albida* var. *albida* and *V. albida* var. *takahashii*. The similarity of OTUs studied is high in clustering analysis, so that this result is compatible with the establishment of this complex. All OTUs are clustered within two groups. The individuals of *V. albida* var. *takahashii*, however, are clustered both to the group of *V. albida* var. *albida* and to the group of *V. albida* var. *chaerophylloides*, meaning that the genetic difference is high which would be commensurate with their morphological variations.

Keywords: The *Viola albida* complex, RAPD, genetic dissimilarity, clustering analysis

“종복합체(species complex)”는 분류학적으로 어려움이 있는 종내 분류군들의 집합을 지칭하는 용어이지만(Grant, 1981; Stuessy, 1990), 그 기원은 뚜렷하지 않다(Whang et al., 2002). 종내 형태적 다형성이 야생에서 잡종과 무성생식 등에 의해 생성되어 분류학적인 연구가 필요한 분류군을

microspecies (Davis and Heywood, 1963), superspecies (Mayr 1969), semispecies (Grant, 1957; Baum, 1972), multispecies (Van Valen, 1976) 등등의 용어로 학자에 따라 다르게 기재하여 왔으며, 이들을 통칭하여 흔히 “종복합체” 혹은 “군”으로 부르고 있다. 태백제비꽃 종복합체(이하 태백제비꽃군, *Viola albida* complex)도 상기의 범주에 해당하며(Kim et al., 1991), 본 군의 분류학적인 문제를 보다 확실하게 해결하기

*Author for correspondence: whang@chonbuk.ac.kr

위해서는 발생 및 유전학적 연구가 요구되고 있다.

태백제비꽃군은 태백제비꽃, 단풍제비꽃 그리고 남산제비꽃으로 구성된다(Kim et al., 1991). 태백제비꽃과 남산제비꽃의 자연교잡에 의해 단풍제비꽃이 기원되었다는 것이 학계의 정설이다(Kim, 1986; Lee, 1986; Kim et al., 1991). 그러나 본 군내 분류군들의 분류계급(Regel, 1861; Becker, 1902; Maximowicz, 1877; Ishidoya, 1929; Maekawa, 1954; Chung, 1959; Ito, 1962; Lee, 1969; Park, 1974; Kim et al., 1991; Lee, 2003)과 분류체계(Becker, 1925; Takenouchi, 1955; Maekawa and Hashimoto, 1963; Fu and Teng, 1977; Kim, 1986; Yoo et al., 2004, 2005)에 있어서는 오래 동안 논란이 있어 왔다. 본 군을 대상으로 최근에 Whang(2006)은 ITS DNA 염기서열을, Jang et al. (2006)은 형태형질과 ITS 및 *trnL-F* DNA 염기서열 자료를 분석하고 본 군을 태백제비꽃의 중복합체로 취급하는 것이 타당함을 확인하고 Kim et al.(1991)의 결과를 지지하였다.

한편, 단엽에서 5개의 소엽병이 있는 장상복엽까지 연속적인 다형성을 갖는 본 군내 분류군들은 직경 2-3 m 이내 거리에 동소적으로 생육하고 있는 것으로 미루어 자연교잡과 무성생식에 의한 복잡한 망상진화가 일어나고 있는 것으로 추산되고 있지만(Kim et al., 1991, Whang, 2006), 이에 대한 직접적인 증거 자료는 아직 미비한 실정이다. 따라서 이와 같은 가설을 증명하기 위해서는 인위교배에 의한 잎 형태형질의 분리의 비 조사와 전체 계통을 대상으로 한 유전적 다양성 조사, 그리고 잎 발달 단계별 및 잎 부위별 조절유전자 탐색과 발현조절 패턴의 조사 등 진화-발생 연구(evo-devo research)가 필요하다.

이상에서와 같이 본 복합체에 대해 형태학적 연구와 ITS와 *trnL-F* DNA 염기서열을 이용한 분류학적 연구를 수행한 바 있으나, 아직도 본 복합체내 분류군들의 기원에 대한 상세한 연구, 잎 다양성에 관련된 발달유전학적인 연구 그리고 전체 계통을 대상으로 한 본 복합체의 특성 연구 등 본격적인 분류학적 연구가 필요하다. 본 연구는 직경 2-3 m 이내에 동소적으로 생육하는 본 군내 태백제비꽃, 단풍제비꽃 그리고 남산제비꽃 등 분류군별 대표적인 개체들의 전체 계통을 대상으로 RAPD 분석을 수행하여 분류군간 및 개체간의 유전적 비유사성과 유집 양상을 조사한 내용이다.

재료 및 방법

본 연구에 사용된 재료는 2005년부터 2007년 사이에 내장산에서 채집하였다. 반경 2-3 m에 생육하는 태백제비꽃, 단풍제비꽃 그리고 남산제비꽃을 채집하여 실내 배양실에 이식하고 증식하면서 3년 이상 된 개체들 중 형태적으로 대표적인 8 개체를 선별하여(Fig. 1) 실험에 사용하였다.

전체 DNA 추출은 Doyle and Doyle (1987)의 방법을 따랐다. DNA는 Operon사의 80개 RAPD primers (Appendix 1,

Operon Tech., Inc.)를 사용하여 3회 반복 PCR 증폭하여 안정적인 조건을 확보하였다. 처음 denaturation은 94°C에서 3분 동안 실시하고, 그 뒤는 연속으로 94°C에서 30초 동안 denaturation, 38°C에서 30초 동안 annealing, 72°C에서 1분 30초 동안 extension을 40회 반복하였다. PCR 산물은 1.5% agarose gel을 사용하여 전기영동 후, EtBr로 염색하고 UV trans-illuminator로 관찰 및 촬영하였다(Appendix 2). 전기영동 사진을 TotalLab 120 (Nonlinear Dynamics, United Kingdom) 프로그램을 이용하여 DNA band를 탐색한 뒤, 이를 Microsoft Excel 2003 version을 이용하여 형질표로 작성하였다(Appendix 3). 작성된 RAPD 형질표는 PAUP 4.0 (Swofford, 2001) 프로그램을 이용 Nei (1972)의 유전적 비유사성 조사와 NTSYS 2.2 (Rohlf, 1998) 프로그램을 이용하여 비가중산술법(UPGMA; unweighted pair group method with arithmetic averages)에 의한 유집분석을 시도하였다.

결과 및 고찰

본 군내 개체들은 야생에서 채취하여 3년 이상 실험실의 동일한 조건에 이식 재배하면서 잎 발달 특징이 조사되었다(Fig. 1). 태백제비꽃은 모두 단엽이며, 엽신에 단거치를 발달하나 복거치와 열편은 형성하지 않았다. 단풍제비꽃은 복거치를 형성했으며, 열편이 생성되면 소엽병이 발달하는 경우와 발달하지 않는 경우가 있으며, 소엽은 3개 이상 발달하지 않았다. 남산제비꽃은 모두 복거치를 발달하고 5개의 소엽병을 갖는 장상복엽의 형태이었다.

Operon사의 random primer set (Appendix 1)을 이용하여 PCR을 수행한 뒤, 전기영동하고(Appendix 2), TotalLab 120 프로그램을 사용 기계적으로 DNA 절편을 읽고 기초행렬 자료를 만들었다(Appendix 3). 본 연구에 사용된 80개의 primers 중 12개의 끌린(smear) primers를 빼고 나머지 68개가 PCR 증폭된 뚜렷한 DNA 절편으로 나타났다(Appendix 2). 각 primer 마다 증폭된 DNA 절편 수는 다양하게 나타났으며, OPA10과 OPA11이 각각 13개로 가장 많은 절편 수를, OPA20과 OPO16, OPO19, 그리고 OPAB6 등은 3개로 가장 적은 절편 수를 나타냈다. 7개의 OTUs와 68개의 증폭된 primers를 사용하여 얻은 증폭된 자위(amplified loci)의 수는 모두 476개이며, 이 중 태백제비꽃이 평균 318개 또한 남산제비꽃이 평균 321개 자위로 각각 나타나서 약 67%의 증폭 자위를 갖는 것으로 확인되었다. 그러나, 단풍제비꽃은 평균 284개로 60%의 증폭 자위를 갖는 것으로 나타나서 유전적 변이가 위의 두 종에 비해 상대적으로 큰 것으로 나타났다. 이상의 결과는 단풍제비꽃 개체들이 태백제비꽃과 남산제비꽃 개체들에 비해 엽신의 형태적 다형성이 큰 것(Kim et al., 1991; Jang et al., 2006; Whang, 2006)과 병행해서 자연교배종으로 두 모종의 유전적 특징을 모두 갖고 있기 때문인 것으로 추산되는 결과이다. 증폭된 DNA 절편의 크기는 다양하게 나타

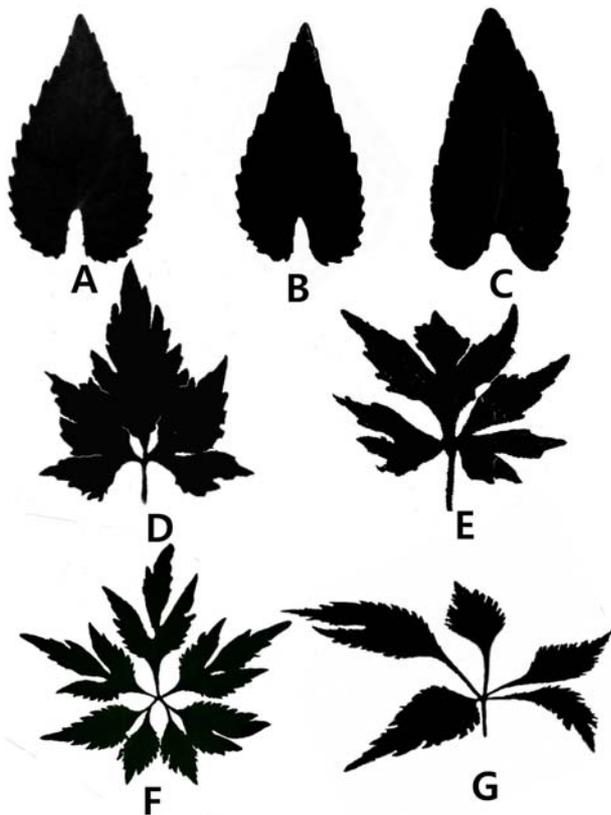


Fig. 1. Variations of leaves in *Viola albida* complex. A–C: *V. albida* var. *albida*, characterizing by having simple teeth of leaf; D–E: *V. albida* var. *takahashii*. Note that not only the lobed- and parted-leaf, but the leaflets having rudimentary petiolule with less than three of them; F–G: *V. albida* var. *chaerophylloides*, characterized by having lobed-leaflets and petiolules developed at five leaflets each. (A is the same as T5 of OTU, B = T8, C = T16, D = D33, E = D35, F = N5, G = N7)

났으며, OPB20와 OPO1에서 3 kb로 가장 큰 절편을, OPA9, OPO5, 그리고 OPO8이 각각 0.25 kb 가장 작은 절편으로 나타났지만 대부분은 0.5–1.5 kb 크기로 나타났다.

기초행렬자료(Appendix 3)를 근거로 Nei(1972)의 유전적 비유사도(genetic dissimilarity) 지수행렬을 작성하였다(Table 1). 본 연구에서 사용된 태백제비꽃군내 분류군 사이에서 유전적 비유사도가 가장 높게 나타난 경우는 태백제비꽃(OTU T5)과 단풍제비꽃(OTU D35)으로 0.464이며, 유전적 비유사도가 가장 낮은 경우는 태백제비꽃(OTU T8)과 단풍제비꽃(OTU D33)으로 0.214로 나타났다. 남산제비꽃 개체들 사이의 유전적 비유사도 지수는 0.051로 나타나서 유전적 동질성이 가장 높으며, 다음으로 태백제비꽃 개체들의 유전적 비유사도는 0.118–0.171로 나타났으며, 반면에 단풍제비꽃 개체들 사이에는 비유사도 지수가 0.348로 나타나 유전적 이질성이 상대적으로 높은 것이 확인되었다. 한편, 태백제비꽃 개체들과 단풍제비꽃 개체들 사이의 유전적 비유사도는 0.214–0.463으로, 남산

Table 1. Genetic dissimilarity matrix calculated by Nei(1972)'s genetic coefficient based on RAPD data of *V. albida* complex.

OTU	T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
T5	-						
T8	0.15617	-					
T16	0.17143	0.11778	-				
D33	0.25645	0.21394	0.26425	-			
D35	0.46357	0.4167	0.42387	0.34807	-		
N5	0.33022	0.31113	0.30383	0.28403	0.30111	-	
N7	0.33146	0.3038	0.29235	0.27661	0.29799	0.05112	-

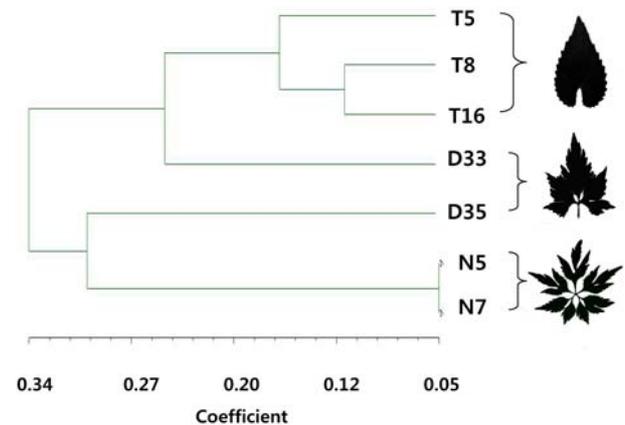


Fig. 2. A UPGMA phenogram of *V. albida* complex based on RAPD data. See Fig. 1 to match OTUs.

제비꽃 개체들과 단풍제비꽃 개체들 간 비유사도는 0.277–0.301으로, 태백제비꽃 개체들과 남산제비꽃 개체들 사이의 비유사도는 0.292–0.331으로 각각 나타나서 뚜렷한 경향성을 나타내지 않았다.

기초행렬자료(Appendix 3)을 근거로 UPGMA 방법으로 상관관계를 이용하여 유집분석을 수행하였다(Fig. 2). 조사된 태백제비꽃군의 OTU들은 크게 2개로 유집군으로 나타났다. 태백제비꽃 OTU들 모두와 단풍제비꽃 OTU 한 개가 하나의 그룹으로 유집되었고, 다음은 남산제비꽃 OTU들 모두와 단풍제비꽃 OTU 하나가 다른 군으로 유집되었다. 따라서 단풍제비꽃 OTU들은 서로 다른 그룹에 유집되었으며, 따라서 개체에 따라 태백제비꽃 혹은 남산제비꽃에 가까운 유사도를 각각 갖는 것으로 나타났으며, 이는 야생에서 남산제비꽃과 태백제비꽃이 교잡한 후에 생성된 잡종들이 다시 어버이종과 교잡되어 망상진화의 양상의 가능성을 시사한다(Kim et al., 1991; Jang et al., 2006; Whang, 2006). 조사된 모든 OTU는 상관지수 0.34에서 모두 유집되어 유사도가 높은 것으로 확인되었으며, 남산제비꽃의 상관지수가 0.05로 가장 높은 유사도를 태백제비꽃 개체들이 약 0.17 지수로 역시 높은 유사도를 보였다(Fig. 2).

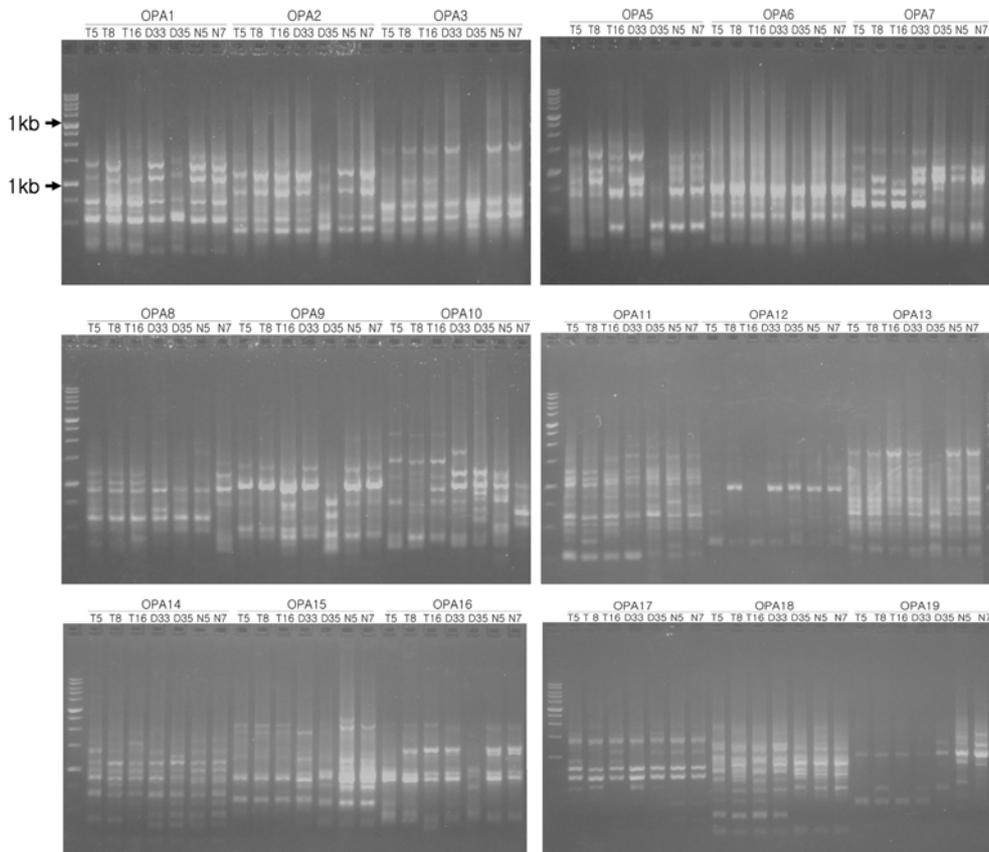
인용문헌

- Baum, B. R. 1972. *Avena septentrionalis*, and the semispecies concept. *Can. J. Bot.* 50: 2063-2066.
- Becker, W. 1902. *Violaceae*. *Bull. Herb. Boiss. ser. II* 2: 856.
- Becker, W. 1925. *Viola*. In, *Die Natürlichen Pflanzenfamilien*, Engler, A. and K. Prantl (eds.), 21: 363-377.
- Chung, T. H. 1959. A key of the species of *Violaceae* from Korea. *J. Plant Biol.* 2: 25-26.
- Davis, P. H. and V. H. Heywood. 1963. *Principles of Angiosperm Taxonomy*. Princeton NJ, Van Nostrand.
- Doyle, J. J. and J. S. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19: 11-15.
- Fu, P. Y. and Y. C. Teng. 1977. *Flora Plantrum herbacearum Chinae Boreali-Orientalis*. Tomus 6. *Sci. Publ.* Pp. 79-129.
- Grant, V. 1957. The plant species in theory and practice. In *The Species Problem*, E. Mayr (ed.), Washington, D.C.: American Association for the Advancement of Science. Pp. 39-80.
- Grant, V. 1981. *Plant Speciation*. 2nd Ed. Columbia University Press, New York.
- Ishidoya, T. 1929. Review of *Viola* from Korean and Manchuria. *J. Chosen Nat. Hist. Soc.* 8: 15-17.
- Ito, E. 1962. Observations on the variations of the *Chaerophylloides*-Group of *Viola* in Japan. *Bull. Nat. Sci. Mus. Tokyo* 6: 192-203.
- Jang, S.-K., W.-T. Lee and K.-O. Yoo. 2006. Taxonomic study on *Viola albida* var. *albida* and its related taxa. *Kor. J. Plant Taxon.* 36: 163-187.
- Kim, K. S. 1986. Studies of comparative morphology on the Korean *Viola* species. Ph.D. thesis, Sung Kyun Kwan Univ., Korea (in Korean).
- Kim, K. S., B. Y. Sun, S. S. Whang and G. H. Chung. 1991. Biosystematic study on the genus *Viola* in Korea - comparative morphology of the *Viola albida* complex. *Kor. J. Bot.* 34: 229-238 (in Korean).
- Lee, T. B. 1969. Plant resources on Korea. *Bull. Seoul Nat. Univ. (Biol. Agr.)* 20: 158-159.
- Lee, T. B. 1986. *Illustrated Flora of Korea*. Hyangmoonsa, Seoul (in Korean).
- Lee, T. B. 2003. *Coloured Flora of Korea*. Hyangmoonsa, Seoul (in Korean).
- Maekawa, F. 1954. *Violaceae*. In *Enumeratio Spermatohytraum Japonicum*, H. Hara (eds.), 3: 194-227.
- Maekawa, F. and T. Hashimoto. 1963. *Violets of Japan: 2*. Shidundo-shinko-sha, Tokyo, Pp. 1-9.
- Maximowicz, C. J. 1877. *Diagnoses plantarum novarum asiaticarum*. *Bull. Acad. St.-Pet.* 23: 312-314.
- Mayer, E. 1969. *Principles of Systematic Zoology*. New York: McGraw-Hill.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Nat.* 106: 283-292.
- Park, M. K. 1974. Key to the herbaceous plants in Korea (Dicotyledoneae). Jeumumsa, Seoul. Pp. 273-274 (in Korean).
- Regel, E. 1861. *Violaceae*. *Pl. Radd.* 1: 222.
- Rohlf, F. J. 1998. *NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. Version 2.2. Exeter Software, Setauket, New York.
- Stuessy, T. F. 1990. *Plant Taxonomy*. Columbia University Press, New York. Pp. 177-179.
- Swofford, D. L. 2001. *PAUP-Phylogenetic analysis using parsimony (and other methods)*. ver. 4.0b8. Academic Press. Sunderland, MA.
- Takenouchi, M. 1955. Brief notes on the taxonomy, ecology and geographic distribution of species of *Viola* indigenous to Manchuria and Inner-Mongolia. *Sci. Contr. Tung-pei Teach. Univ.* 5: 65-95.
- Van Valen, L. 1976. Ecological species, multispecies, and oak. *Taxon* 25: 233-239.
- Whang, S. S. 2006. Analysis of ITS DNA sequences of *Viola albida* complex. *Kor. J. Plant Res.* 19: 628-633 (in Korean).
- Whang, S. S., K. Choi, R. S. Hill and J. H. Pak. 2002. A morphometric analysis of infraspecific taxa within the *Ixeris chinensis* complex (Asteraceae, Lactuceae). *Bot. Bull. Acad. Sin.* 43: 131-138.
- Yoo, K.-O., O.-K. Kwon and W.-T. Lee. 2004. Interspecific relationships of Korean *Viola* based on RAPD, ISSR, PCR-RFLP analyses. *Kor. J. Plant Taxon.* 34: 43-61 (in Korean).
- Yoo, K.-O., S.-K., Jang and W.-T. Lee. 2005. Phylogeny of Korean *Viola* based on ITS sequences. *Kor. J. Plant Taxon.* 35: 7-23 (in Korean).

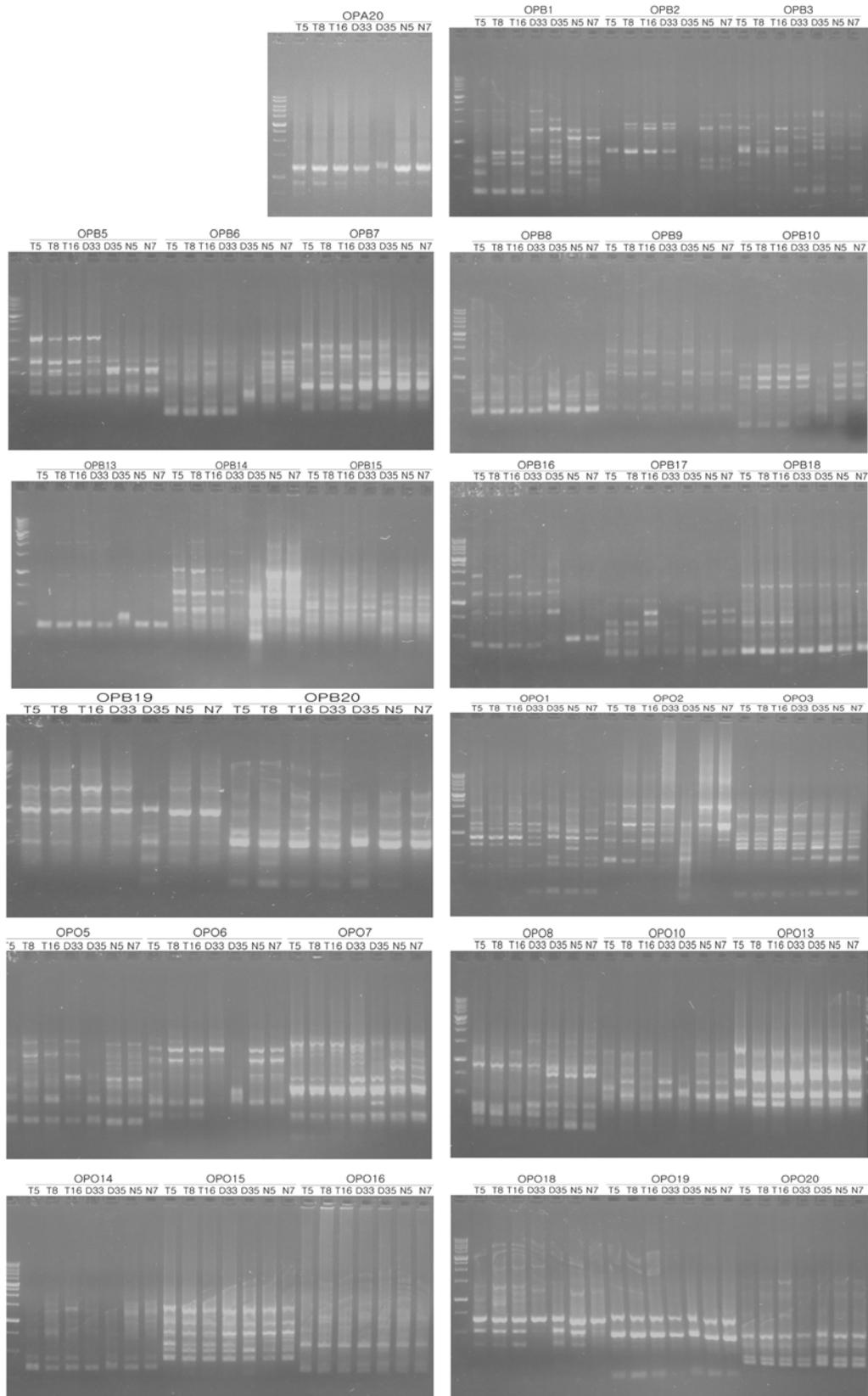
Appendix 1. List of primers used for the study.

Primer code	Sequences	Primer code	Sequences	Primer code	Sequences	Primer code	Sequences
OPA01	CAGGCCCTTC	OPB01	GTTTCGCTCC	OPO01	GGCACGTAAG	OPAB01	CCGTCGGTAG
OPA02	TGCCGAGCTG	OPB02	TGATCCCTGG	OPO02	ACGTAGCGTC	OPAB02	GGAAACCCCT
OPA03	AGTCAGCCAC	OPB03	CATCCCCCTG	OPO03	CTGTTGCTAC	OPAB03	TGGCGCACAC
OPA04	AATCGGGCTG	OPB04	GGA CTGGAGT	OPO04	AAGTCCGCTC	OPAB04	GGCACGCGTT
OPA05	AGGGGTCTTG	OPB05	TGCGCCCTTC	OPO05	CCCAGTCACT	OPAB05	CCCGAAGCGA
OPA06	GGTCCCTGAC	OPB06	TGCTCTGCCC	OPO06	CCACGGGAAG	OPAB06	GTGGCTTGGA
OPA07	GAAACGGGTG	OPB07	GGTGACGCAG	OPO07	CAGCACTGAC	OPAB07	GTA AACCGCC
OPA08	GTGACGTAGG	OPB08	GTCCACACGG	OPO08	CCTCCAGTGT	OPAB08	GTTACGGACC
OPA09	GGGTAACGCC	OPB09	TGGGGGACTC	OPO09	TCCCACGCAA	OPAB09	GGGCGACTAC
OPA10	GTGATCGCAG	OPB10	CTGCTGGGAC	OPO10	TCAGAGCGCC	OPAB10	TTCCTCCCA
OPA11	CAATCGCCGT	OPB11	GTAGACCCGT	OPO11	GACAGGAGGT	OPAB11	GTGCGCAATG
OPA12	TCGGCGATAG	OPB12	CCTTGACGCA	OPO12	CAGTGCTGTG	OPAB12	CCTGTACCGA
OPA13	CAGCACCCAC	OPB13	TTCCCCGCT	OPO13	GTCAGAGTCC	OPAB13	CCTACCGTGG
OPA14	TCTGTGCTGG	OPB14	TCCGCTCTGG	OPO14	AGCATGGCTC	OPAB14	AAGTGC GACC
OPA15	TTCCGAACCC	OPB15	GGAGGTGTT	OPO15	TGGGTCCTT	OPAB15	CCTCCTTCTC
OPA16	AGCCAGCGAA	OPB16	TTTGCCCGGA	OPO16	TCGGCGGTC	OPAB16	CCCGGATGGT
OPA17	GACCGCTTGT	OPB17	AGGGAACGAG	OPO17	GGCTTATGCC	OPAB17	TCGCATCCAG
OPA18	AGGTGACCGT	OPB18	CCACAGCAGT	OPO18	CTCGCTATCC	OPAB18	CTGGCGTGTC
OPA19	CAAACGTCGG	OPB19	ACCCCGAAG	OPO19	GGTGCACGTT	OPAB19	ACACCGATGG
OPA20	GTTGCGATCC	OPB20	GGACCCTTAC	OPO20	ACACACGCTG	OPAB20	CTTCTCGGAC

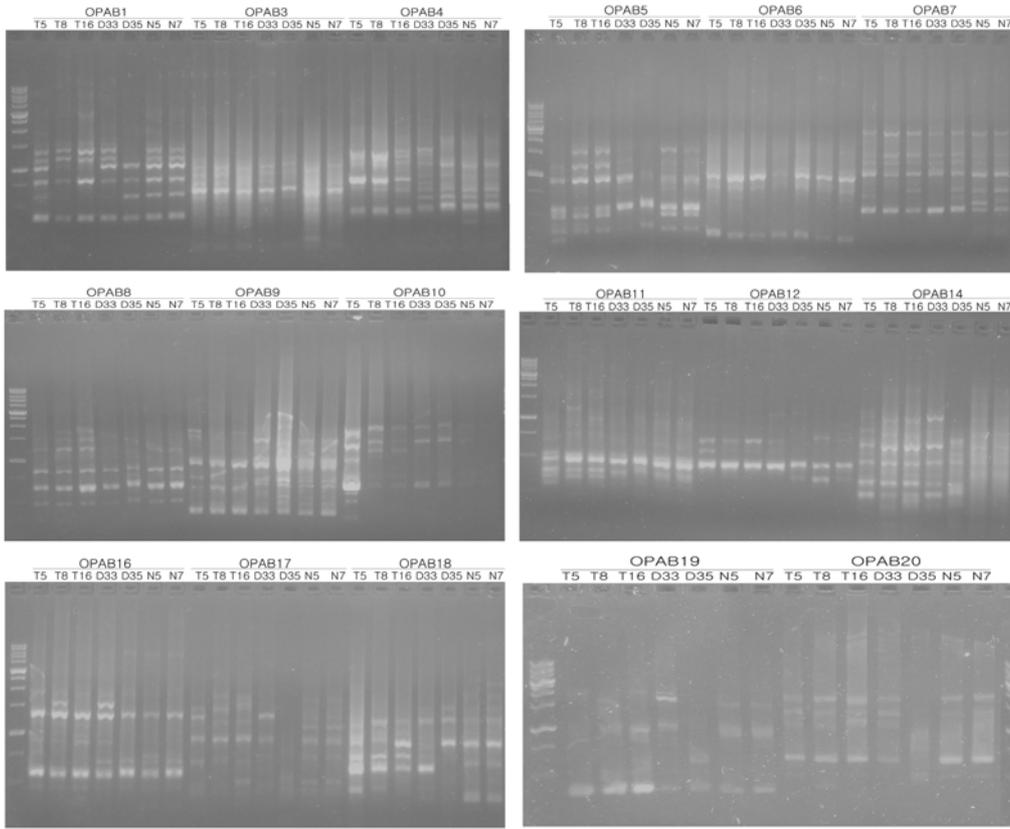
Appendix 2. Electrophoresis photographs of RAPD using random primers. Refer Appendix 1 for the primers used (OPA1–13). OTUs (T5–N7) correspond to Fig. 1.



Appendix. 2. Continued.



Appendix 2. Continued.



Appendix 3. RAPD data matrix of *Viola albida* complex. See Appendix 1 to know the primers in detail. OTUs correspond to Fig. 1.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPA1	1.66	1	0	0	0	0	0	1	1
	1.5	2	0	0	0	0	1	0	0
	1.38	3	1	0	0	1	0	0	0
	1.26	4	0	1	0	0	0	1	1
	1.24	5	0	0	0	0	1	0	0
	1.12	6	1	1	1	1	0	1	1
	0.75	7	1	1	1	1	1	1	1
	0.62	8	1	1	1	1	0	1	1
	0.56	9	0	0	0	0	1	0	0
	0.5	10	1	1	1	1	1	1	1
	0.3	11	1	1	1	0	0	0	0
OPA2	1.38	1	0	0	0	0	1	0	0
	1.24	2	1	1	1	1	0	1	1
	1	3	0	0	0	0	1	0	0
	0.84	4	1	1	1	1	0	1	1
	0.56	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.4	6	1	1	1	1	1	1	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPA4	1.84	1	1	1	1	1	0	1	1
	1	2	0	1	1	1	0	0	0
	0.92	3	0	1	1	0	0	0	0
	0.75	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.56	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.45	6	0	0	0	1	1	1	1
	0.4	7	1	1	1	0	0	0	0
OPA5	1.66	1	0	0	1	0	0	0	0
	1.5	2	1	0	0	0	0	0	0
	1.38	3	1	1	1	1	0	1	1
	1.12	4	1	0	1	0	0	1	1
	1	5	0	1	0	0	0	0	0
	0.84	6	1	1	0	1	0	1	1
OPA6	0.75	7	1	1	1	1	1	1	1
	0.56	8	0	1	0	0	0	0	0
	0.35	9	0	0	1	0	1	1	1
	1.5	1	1	1	1	1	1	1	1
	1	2	1	1	1	1	0	1	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPA6	0.75	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.56	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.45	5	1	1	1	1	1	1	1
OPA7	1.5	1	1	1	1	1	1	1	1
	1.12	2	1	0	0	1	1	1	1
	0.84	3	0	1	1	1	1	1	1
	0.75	4	0	0	0	0	1	0	0
	0.69	5	1	1	1	1	0	0	0
	0.56	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.4	7	0	0	0	0	1	0	0
	0.35	8	1	1	1	1	1	1	1
OPA8	2	1	0	0	0	1	0	0	0
	1.5	2	0	0	0	0	0	1	0
	1.38	3	0	0	0	0	0	0	1
	1.24	4	1	1	1	0	0	0	1
	1	5	1	1	1	1	0	0	0
	0.92	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	7	0	0	0	0	1	1	0
	0.63	8	0	0	0	1	1	0	0
	0.56	9	1	1	1	1	1	1	1
	0.45	10	0	0	0	1	1	1	0
	OPA9	2	1	0	0	0	0	0	1
1.26		2	1	1	1	1	0	1	1
1		3	1	1	1	1	0	1	1
0.75		4	0	0	1	0	1	1	1
0.57		5	0	0	0	0	1	1	1
0.5		6	1	1	1	1	0	0	0
0.4		7	1	1	1	1	1	1	1
2.5		1	1	1	1	0	0	0	0
OPA10	1.66	2	0	0	0	1	0	0	0
	1.38	3	1	1	1	0	0	0	0
	1.24	4	0	1	0	1	1	1	0
	1.12	5	1	1	0	0	0	0	0
	1	6	0	0	0	1	1	1	1
	0.92	7	0	0	1	0	0	0	0
	0.84	8	0	0	0	0	1	0	0
	0.75	9	1	1	1	1	1	0	0
	0.63	10	0	1	1	1	1	0	1
	0.56	11	0	0	0	0	1	0	1
	0.5	12	0	0	0	0	1	0	0
	0.4	13	1	1	1	1	1	0	0
	OPA11	1.82	1	0	0	0	1	1	1
1.5		2	1	1	1	0	0	0	0
1.36		3	1	1	1	1	1	1	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.							
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7	
OPA11	1.24	4	1	1	1	1	1	1	1	
	1	5	1	1	1	1	1	1	1	
	0.84	6	1	1	1	1	1	0	1	
	0.75	7	1	1	0	0	1	1	1	
	0.63	8	1	1	1	1	1	1	1	
	0.56	9	1	1	1	1	1	1	1	
	0.5	10	1	1	1	1	1	1	1	
	0.45	11	1	1	1	0	1	1	1	
	0.4	12	1	1	1	0	0	0	0	
	0.3	13	1	1	0	0	0	0	0	
	OPA12	1.35	1	0	0	0	1	1	1	1
		1	2	0	1	0	1	1	1	1
		0.83	3	0	0	0	0	1	0	0
0.69		4	1	0	0	0	0	0	0	
0.3		5	1	1	1	1	1	1	1	
OPA13	1.66	1	1	1	1	1	0	1	1	
	1.38	2	1	1	1	1	1	1	1	
	1.12	3	1	1	1	1	0	1	1	
	0.75	4	1	1	1	1	1	1	1	
	0.69	5	1	1	1	1	1	1	1	
	0.63	6	1	1	1	1	1	1	1	
	0.5	7	1	1	1	1	1	1	1	
	0.25	8	1	1	1	1	1	1	1	
OPA14	1.5	1	0	0	1	0	0	1	1	
	1.38	2	1	0	0	1	0	1	1	
	1.26	3	0	0	0	0	1	0	0	
	1.12	4	1	1	1	1	1	1	1	
	1	5	1	1	1	1	1	1	1	
	0.83	6	1	1	1	1	1	1	1	
	0.75	7	0	1	0	0	0	0	0	
	0.69	8	1	1	1	1	1	1	1	
	0.3	9	0	0	0	0	1	1	1	
OPA15	2.5	1	0	0	0	0	0	1	0	
	2.16	2	1	1	1	0	0	1	1	
	1.84	3	1	1	1	1	0	0	0	
	1.24	4	1	1	1	1	0	1	1	
	1	5	0	0	0	0	1	1	1	
	0.84	6	1	1	1	1	1	1	1	
	0.75	7	0	0	0	1	1	1	1	
	0.3	8	1	1	1	1	1	1	0	
OPA16	2	1	1	1	1	1	0	1	1	
	1.38	2	0	1	1	1	0	1	1	
	1.26	3	0	0	0	0	0	1	1	
	0.92	4	1	1	1	1	1	1	1	

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPA16	0.84	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	6	0	0	0	0	1	0	0
	0.3	7	1	1	0	0	0	0	0
	0.25	8	1	1	1	1	1	1	1
OPA17	1.66	1	0	0	0	0	1	1	1
	1.38	2	1	1	1	1	1	1	1
	1.12	3	0	0	1	0	1	1	1
	0.92	4	1	0	1	0	0	0	0
	0.84	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.63	7	1	1	0	1	1	0	0
	0.35	8	0	0	0	0	0	1	1
OPA18	1.84	1	1	1	1	0	0	1	0
	1.5	2	0	0	0	0	0	1	0
	1.24	3	1	1	1	1	1	1	1
	1	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	5	0	1	0	1	1	1	1
	0.75	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.63	7	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	8	1	1	1	1	1	1	1
	0.35	9	1	1	1	0	0	0	0
OPA19	1.66	1	0	0	0	0	0	0	1
	1.5	2	0	0	0	0	0	1	0
	1.38	3	0	0	0	0	1	0	0
	1	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	5	0	0	0	0	0	1	1
	0.63	6	0	0	0	0	0	1	0
	0.5	7	0	1	0	0	1	0	0
	0.3	8	1	1	1	1	0	0	0
OPA20	1.24	1	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	2	1	1	1	1	0	1	1
	0.75	3	1	0	1	0	0	0	0
OPB1	2	1	1	1	0	1	0	0	0
	1.5	2	0	0	0	1	1	0	0
	1.36	3	0	0	0	1	1	1	1
	1.12	4	0	0	0	0	0	1	1
	1	5	0	0	1	1	1	0	0
	0.92	6	0	0	0	0	0	1	0
	0.83	7	0	1	1	0	1	0	0
	0.75	8	1	1	1	1	1	0	0
OPB2	1.84	1	0	1	1	1	0	1	1
	1.5	2	0	1	1	1	0	0	0
	1.38	3	1	1	1	1	0	1	1
	0.83	4	1	1	1	1	1	0	0

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPB2	0.63	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.57	6	1	1	1	1	1	1	1
OPB3	1.84	1	1	1	1	1	1	1	1
	1.38	2	1	0	1	1	0	1	1
	1.12	3	0	0	0	1	1	1	1
	1	4	0	1	0	0	1	0	0
	0.83	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	6	0	0	0	0	0	1	1
	0.63	7	1	0	0	1	0	0	0
	0.5	8	1	0	1	0	1	1	1
0.35	9	1	1	0	1	1	1	1	
OPB5	1.5	1	1	1	1	1	0	0	0
	1.12	2	0	0	0	1	0	0	0
	1	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.83	4	0	1	0	1	1	1	1
	0.75	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.63	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	7	1	1	1	1	1	1	1
OPB6	1.24	1	0	0	1	1	0	1	1
	1	2	1	1	1	1	0	1	1
	0.84	3	0	0	0	0	0	1	1
	0.75	4	1	1	1	1	0	1	1
	0.63	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	6	0	0	0	0	1	0	0
	0.45	7	1	1	1	1	1	1	1
	0.25	8	1	1	1	1	0	0	0
OPB7	1.38	1	1	1	1	1	1	0	0
	1	2	1	1	1	1	1	0	1
	0.75	3	0	1	0	1	1	1	1
	0.56	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.4	5	0	0	1	0	1	1	1
	0.3	6	1	1	1	1	0	0	0
OPB8	1	1	1	1	1	1	1	0	1
	0.75	2	0	0	0	0	1	1	1
	0.63	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.56	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	5	1	1	1	1	1	1	1
OPB9	1.84	1	1	1	1	1	1	1	1
	1.38	2	1	1	1	1	0	0	0
	1.12	3	1	1	1	0	1	1	1
	0.84	4	0	0	0	1	1	1	1
	0.75	5	0	0	1	1	0	0	0
	0.5	6	1	1	0	1	1	1	1
OPB10	1.38	1	1	1	1	1	0	1	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPB10	1.12	2	0	0	0	1	0	0	0
	1	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	4	1	1	1	1	0	1	1
	0.63	5	0	0	0	0	1	1	1
	0.5	6	1	1	1	1	1	0	0
	0.25	7	1	1	1	0	0	0	0
OPB13	2	1	0	1	1	0	0	0	0
	0.92	2	0	1	0	1	0	1	1
	0.35	3	0	0	0	0	1	0	0
	0.3	4	1	1	1	1	1	1	1
OPB14	2	1	0	1	1	0	0	0	0
	1.84	2	0	0	0	0	0	1	1
	1.5	3	0	0	0	1	0	0	0
	1	4	1	1	1	1	0	1	1
	0.75	5	0	0	0	1	0	0	0
	0.5	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.45	7	1	1	0	0	0	0	0
	0.4	8	1	1	1	0	1	1	1
	0.25	9	0	0	0	0	1	0	1
OPB15	1	1	0	0	1	0	0	0	0
	0.75	2	0	0	1	0	0	0	0
	0.56	3	1	1	0	1	1	1	1
	0.5	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.35	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.25	6	0	0	0	0	1	0	0
OPB16	1.84	1	1	0	1	0	0	0	0
	1.5	2	0	0	0	1	1	0	0
	1.24	3	1	1	1	1	1	0	0
	0.83	4	1	1	1	1	1	0	0
	0.5	5	0	0	0	0	1	1	1
	0.4	6	1	1	1	1	0	0	0
OPB17	1	1	1	1	1	0	0	0	0
	0.83	2	0	0	1	0	1	1	1
	0.69	3	1	1	1	1	0	1	1
	0.56	4	1	1	1	1	0	0	0
	0.3	5	1	1	1	1	1	1	1
OPB18	1.5	1	1	1	1	1	1	1	1
	1	2	0	0	1	0	0	0	0
	0.69	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	4	1	1	1	0	1	1	1
	0.25	5	1	1	1	1	1	1	1
OPB19	1.5	1	1	1	1	0	1	1	1
	0.92	2	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	3	1	1	1	0	0	1	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPB19	0.63	4	0	0	0	0	1	1	1
	0.5	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.3	6	0	0	0	0	1	1	1
OPB20	3	1	1	1	0	0	0	0	0
	2	2	0	0	0	1	0	0	0
	1.38	3	1	1	1	0	0	1	1
	0.84	4	1	0	1	1	1	1	1
	0.62	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	6	1	1	1	1	1	1	1
OPO1	3	7	0	1	0	0	0	0	0
	3	1	0	0	0	0	1	1	1
	1.84	2	1	1	1	1	1	1	1
	1.26	3	1	0	1	1	0	1	0
	1.12	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	6	1	1	1	1	0	1	0
	0.69	7	0	0	0	0	0	1	1
	0.56	8	0	0	1	0	1	1	1
0.45	9	1	1	1	1	1	1	1	
OPO2	2	1	1	1	1	1	0	1	1
	1.24	2	1	1	1	1	1	1	1
	1	3	0	1	1	1	0	0	1
	0.83	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.69	5	0	0	1	0	1	0	0
	0.5	6	1	1	1	0	1	0	0
OPO3	1.5	1	1	1	1	1	1	1	1
	1.12	2	0	0	1	0	0	0	1
	1	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.83	4	1	1	1	1	0	1	1
	0.75	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.69	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.56	7	0	0	0	1	1	1	1
OPO5	1.66	1	1	1	1	0	0	0	0
	1.5	2	0	0	0	0	0	1	1
	1.24	3	1	1	1	1	0	1	1
	1.12	4	0	1	0	0	0	1	1
	0.92	5	0	1	1	0	0	1	1
	0.75	6	1	1	0	1	1	1	1
	0.63	7	0	1	1	0	1	1	1
	1.12	3	1	1	1	1	0	1	1
	0.75	4	1	0	1	0	0	1	1
OPB19	0.62	5	0	0	0	0	1	0	0
	0.5	6	1	1	1	0	1	1	1
	0.35	7	1	1	1	0	0	0	0

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPO7	1.66	1	1	1	1	0	1	1	1
	1.5	2	0	0	0	1	0	1	1
	1.12	3	0	0	0	1	0	1	1
	0.92	4	0	0	0	0	0	1	1
	0.75	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.63	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.45	7	0	0	0	0	1	0	0
	0.3	8	1	1	1	1	1	1	1
OPO8	1.84	1	0	0	0	1	1	1	1
	1.5	2	0	0	0	1	1	1	1
	1.38	3	1	0	0	0	0	0	0
	1.24	4	0	0	1	0	1	1	1
	0.84	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	6	0	0	0	0	1	1	1
	0.56	7	0	0	0	0	1	0	0
	0.4	8	1	1	1	1	1	1	1
	0.35	9	1	1	1	1	1	1	1
	0.25	10	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	2	1	1	1	1	0	1	1
	0.62	3	0	1	1	1	1	1	1
	0.5	4	1	1	1	1	1	1	1
OPO10	1.24	1	1	1	1	0	0	1	1
	0.75	2	1	1	1	0	1	1	1
	0.62	3	0	1	1	1	1	1	1
	0.5	4	1	1	1	1	1	1	1
OPO13	1.24	1	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	2	1	1	1	1	1	1	1
	0.69	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.35	5	1	1	1	1	1	1	1
OPO14	1.5	1	0	1	0	0	0	1	1
	1.38	2	0	1	1	0	0	0	0
	1.26	3	0	0	0	0	0	1	1
	1	4	4	0	0	0	0	1	1
	0.45	5	1	1	1	0	1	1	1
	0.3	6	1	1	1	1	1	1	1
OPO15	1.38	1	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	2	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.63	4	0	0	0	0	1	1	1
	0.56	5	1	1	1	1	0	0	0
	0.5	6	1	1	1	1	1	1	1
	0.45	7	1	1	1	1	1	1	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPO16	1	1	0	1	0	0	0	0	0
	0.56	2	1	1	1	1	1	1	1
	0.25	3	1	1	1	1	1	1	1
OPO18	1	1	0	1	1	1	0	0	0
	1.38	2	1	1	1	1	0	0	0
	1.12	3	0	1	1	0	0	1	1
	1	4	1	1	1	0	0	0	0
	0.83	5	0	1	0	0	0	0	0
	0.63	6	1	1	1	1	1	1	1
OPO19	0.5	7	1	1	1	0	1	1	0
	0.3	8	1	1	1	0	1	1	0
	0.63	1	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	2	1	1	1	1	1	0	0
OPO20	0.45	3	0	0	0	0	0	1	1
	1.5	1	0	0	1	0	0	0	0
	1	2	0	0	1	0	0	0	0
OPAB1	0.5	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.35	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.25	5	1	1	1	1	1	1	1
	1.38	1	1	1	1	1	0	1	1
	1.24	2	1	1	1	1	0	1	1
	1	3	1	1	0	1	1	1	1
OPAB3	0.75	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.62	5	1	0	0	0	1	1	1
	0.35	6	1	1	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1	1	1	0	1
OPAB4	0.92	2	1	1	1	1	1	1	0
	0.75	3	1	1	1	1	0	0	0
	0.69	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	5	0	0	0	0	0	0	1
	1.78	1	0	0	0	0	1	1	1
OPAB5	1.5	2	0	0	0	1	0	0	0
	1.38	3	1	1	1	0	0	0	0
	1.24	4	1	1	1	1	0	0	0
	1.12	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	6	0	0	0	1	1	1	1
	0.83	7	1	1	1	0	0	0	0
	0.69	8	1	1	1	1	1	1	1
	0.62	9	0	0	0	1	1	1	1
	0.5	10	1	1	1	1	1	1	1
	1.5	1	0	1	1	0	0	1	1
1.24	2	1	1	1	1	0	1	1	
0.92	3	1	1	1	1	1	1	1	

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPAB5	0.69	4	0	0	0	1	1	0	0
	0.62	5	1	0	1	0	0	1	1
	0.5	6	1	1	1	0	0	1	1
	0.35	7	1	1	1	0	1	1	1
OPAB6	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	0.83	2	1	1	1	0	1	1	1
	0.25	3	1	1	1	1	1	1	1
OPAB7	2.5	1	1	1	1	1	1	1	1
	1.38	2	1	1	1	1	1	1	1
	1.24	3	1	1	1	1	1	1	1
	1	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	5	0	0	1	0	1	1	1
	0.69	6	0	0	0	0	0	1	1
	0.56	7	1	1	1	1	1	1	1
OPAB8	1.83	1	0	1	1	0	0	0	0
	1.5	2	0	1	1	0	1	0	0
	1.24	3	1	1	1	0	0	1	1
	0.83	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.62	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.5	6	1	1	1	1	1	1	1
OPAB9	1.83	1	1	0	1	0	0	0	0
	1.5	2	0	0	0	1	0	1	1
	1	3	0	0	0	1	1	1	1
	0.92	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.75	5	1	1	0	1	1	1	1
	0.62	6	1	1	1	0	0	1	1
	0.3	7	1	1	1	1	1	1	1
OPAB10	2	1	0	1	1	1	1	1	1
	1.66	2	1	0	0	0	0	0	0
	1.5	3	0	1	1	1	1	1	1
	1.38	4	1	0	0	0	0	0	0
	1.24	5	0	1	1	0	0	0	0
	1	6	1	0	0	0	0	0	0
	0.69	7	1	1	1	1	1	1	1
OPAB11	1.24	1	0	1	0	0	0	0	0
	1	2	0	0	1	0	0	1	1
	0.56	3	1	1	1	1	0	0	0
	0.45	4	1	1	1	1	1	1	1
	0.35	5	1	1	1	1	1	0	0
	0.3	6	1	1	1	0	0	1	1
OPAB12	1	1	0	0	0	1	1	0	0
	0.69	2	0	0	0	0	0	1	0
	0.62	3	1	1	1	1	0	0	1

Appendix 3. Continued.

Primer code	Size(kb)	Bands	DNA No.						
			T5	T8	T16	D33	D35	N5	N7
OPAB12	0.5	4	1	1	1	1	0	0	0
	0.35	5	1	1	1	1	1	1	1
	0.25	6	0	0	0	0	1	1	1
OPAB14	1	1	0	1	1	1	0	1	1
	0.75	2	1	1	1	0	0	1	1
	0.62	3	0	0	0	0	1	0	0
	0.56	4	1	1	1	1	0	1	1
	0.45	5	1	1	1	1	1	1	1
OPAB16	1.83	1	1	0	0	0	0	0	0
	1.5	2	0	1	0	1	0	0	0
OPAB16	1.38	3	1	1	1	1	1	1	1
	0.92	4	1	1	1	1	0	0	0
	0.69	5	0	0	0	1	1	1	1
	0.56	6	1	1	1	1	1	1	1
OPAB17	1.66	1	0	1	1	0	0	0	0
	1.5	2	1	1	1	0	0	0	0
	1.38	3	1	0	0	1	0	1	1
	1	4	0	1	1	0	0	1	1
	0.83	5	1	1	1	1	0	1	1
	0.69	6	1	1	1	1	0	1	1
OPAB18	0.5	7	0	0	1	0	0	1	1
	2	1	0	0	0	0	0	0	1
	1.66	2	0	0	0	0	0	1	1
	1.5	3	0	0	0	0	1	1	1
	1.24	4	1	1	1	1	1	1	1
	1	5	1	1	1	0	0	0	0
	0.83	6	1	1	1	0	1	1	1
	0.69	7	1	1	1	0	0	0	0
	0.62	8	1	1	1	1	0	1	1
0.45	9	1	1	0	1	0	0	0	
OPAB19	2	1	0	1	1	0	0	0	0
	1.66	2	1	0	0	1	0	1	1
	1.5	3	0	1	0	1	0	1	1
	1	4	0	1	1	1	0	1	1
	0.75	5	1	0	0	0	0	0	0
	0.62	6	0	0	1	0	1	0	0
OPAB20	0.3	7	1	1	1	1	1	1	1
	1.83	1	1	1	1	1	0	1	1
	1.38	2	1	1	1	1	0	1	1
	1.12	3	1	1	1	1	0	1	1
	1	4	0	0	0	0	1	0	0
0.62	5	1	1	1	1	1	1	1	