

Name	Sequence (5'-3')	Primer position start	end	Primer Modification	EcoRI fragment position start	end
1. Beta-globin locus (ENm009) Chromosome 11						
FOR131	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGAAATCCAGTGAGAAGAAAGGAAGAA	5178427	5178453	-	5175467	5178450
FOR132	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCATTATACACATATTTTAAGTTGCTCTGAAAAATCTAGAA	5184133	5184172	-	5178451	5184169
FOR133	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCATTTCCTAAATCTGTGGATTTTAGAA	5185398	5185423	-	5184170	5185420
* FOR134	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGAATGGTACCAGCTCCTCTGTACCTCTGGTAGAA	5196360	5196395	-	5185421	5196392
* FOR135	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTTTCTTTGACTAGGAAAGGGAA	5199688	5199711	-	5196393	5199708
FOR136	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAGCTGCACTGGTGGGGTGAA	5203460	5203481	-	5199709	5203478
FOR137	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCACATGTCCCATCCAGGTGATGTTCTCATGAA	5209006	5209036	-	5203479	5209033
FOR138	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCATAGGCAGCCTGCATTTGTGGGGTGAA	5210821	5210847	-	5209034	5210844
FOR139	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAAGTATTTTCACTCTTTTCTGAA	5213133	5213158	-	5210845	5213155
FOR140	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTCTCCCAAAATTTCAATCTCAGTTCAGTCTTTTGA	5216272	5216309	-	5213156	5216306
FOR141	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCCCACTTTCCATCAGCCAACCGAA	5223308	5223334	-	5216307	5223331
FOR142	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTCAATAAAATAGAATTGCTACACCTGACTAAACCTTGAA	5225648	5225687	-	5223332	5225684
FOR143	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAGGAAGCCTGCACCTCAGGGGTGAA	5226218	5226242	-	5225685	5226239
		5231136	5231160	-	5229577	5231157
FOR144	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCTCTAACCCTTGCTAGATTATAATGCCAGAAGCTCTGGAA	5228845	5228884	-	5226240	5228881
FOR145	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAAAGTACGTTGAAGAAAAAATAGAA	5229556	5229579	-	5228882	5229576
* FOR147	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTTTTCAGAAAAACAATGCTGAGAGAA	5238117	5238144	-	5231158	5238141
* FOR148	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTGCACTTAAAGATACAGAATTGCAGAATGAATAAGAA	5238366	5238405	-	5238142	5238402
FOR149	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAACATCACAAGAGCAATGGAGAAAGAA	5239908	5239936	-	5238403	5239933
* FOR150	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTTACATGATAAACTAAGAAACCTAAAGGAGAGCTTCGAA	5241631	5241670	-	5239934	5241667
* FOR151	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAAGTCCAGGACCATAGATATTCACAGCTGAA	5241783	5241813	-	5241668	5241810
FOR152	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTCCATCATATCATCTCTTGGAACTCTGGAA	5245958	5246000	-	5241811	5245997
FOR153	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTGGCTAACACAGACAAAAACGAGAA	5249731	5249758	-	5245998	5249755
FOR154	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAGGGAAAAATGGTAGATAAGTCAGAGAAACATCAGACAGAA	5256251	5256290	-	5249756	5256287
REV155	TTCTATCTCTTCTATTCAATTCACACATGGAGGAAAAAATCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGAATC	5256774	5256813	5'-Phos	5256288	5256810
REV156	TTCTAATCTCCCTCTCAACCTACAGTCTATCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGAATC	5267205	5267233	5'-Phos	5256811	5267230
REV157	TTCTGACCTCCAAAAGTGATCAAGATATTTTGTAGTTCAGTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGAATC	5270555	5270594	5'-Phos	5267231	5270591
FOR158	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTAGCCTAAGATCAGCACTAATATGTGTCATAAAGGAA	5283639	5283666	-	5270592	5283636
FOR160	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTTGTTAGTTTGAATAGAAATGTTAATGTTTATGGAA	5293985	5294024	-	5285015	5294021
FOR162	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAGTGCAGGTAAAGTTTGAGATCTTACATTTAAGTTTGA	5296506	5296506	-	5295808	5296503
FOR169	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGTTTGTAGTCCACTGGAACCACTCTGAA	5317120	5317147	-	5310461	5317144
FOR170	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTCTTAACTGTTACCTTAACTATGCAGATTTTAAAGAA	5321627	5321666	-	5317145	5321663
FOR177	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCTCCCTTGGGCTTTTGGGAATGAA	5332033	5332058	-	5329232	5332055
FOR178	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAACCAAAATGTGTCATAATCATGCTGTAATAACCTTGAA	5342874	5342913	-	5332056	5342910
FOR179	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTCAATTTTGTTCCTTTTAGAA	5357553	5357576	-	5342911	5357573
FOR180	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTCACTTTTAGTAATGGATTAGATTCTTTAATAATGAA	5359059	5359098	-	5357574	5359095
FOR182	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAATAAAAAGAGACAGTCATGGTTTATGTCCACAAGGAA	5366046	5366046	-	5363370	5366082
FOR186	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGTGAATGTAATCATTTGCTCTCAGTATTGCTCTTGAA	5381722	5381761	-	5377146	5381758
FOR189	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAGCACTATTTCAAGAGATAAGGTTGAGAA	5387542	5387571	-	5383964	5387568
FOR194	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCAGGTTCTACCTTGTAGAGTTTTTCAGTATTAGAA	5401631	5401670	-	5397167	5401667
FOR198	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTGTGCTCAGAACCCACAGTCTAGATCCCTGAA	5415053	5415085	-	5408494	5415082
FOR205	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCTTGTCTCCAGCAAGTGCAACTGTAGAA	5431212	5431242	-	5427609	5431239
FOR213	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTGAGAAAAAATAGTCTGCCTCTTCTAGAA	5451749	5451776	-	5445754	5451773
FOR215	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGATATTAGCCTCATTTTGAAGAGATAGGAA	5464825	5464854	-	5453801	5464851
FOR217	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCAAGTTTGGAAATGAATTTGAGTCTGAA	5467817	5467843	-	5465402	5467840
FOR218	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTCTTCTTCTTTAGTTATAAGGTTATCCCTTATTAAGAA	5468278	5468317	-	5467841	5468314
FOR219	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAATTCATAGCACATCTCCAGAACCGAA	5469969	5469999	-	5468315	5469996
FOR220	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAACCACTCACTCACACATTTCTGTATATGTAGAA	5470046	5470085	-	5469997	5470082
* FOR221	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGAGGAAAGGAAAGAGAGAGAGAGAA	5474876	5474901	-	5470083	5474898
FOR222	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCGAGGCGAGTGAGTAAACCTCTTTTGCTCATATTGAA	5484519	5484555	-	5474899	5484552
FOR223	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTCTTCTTATTCACAAATTAACCATGAA	5488064	5488092	-	5484553	5488089
FOR224	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCATGATGATAACTATTCATCCGGACTTGGTTAATATGTGAA	5491642	5491681	-	5488090	5491678
FOR225	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTTCTGAGGATTACGATATAGTGGAACATGAA	5506163	5506195	-	5491679	5506192
FOR226	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTATCATATTATTACATAGCAGTGTTCTATCACTCTTGAA	5510147	5510186	-	5506193	5510183
FOR227	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTTAGGGTGAAGTGCTTGGCTGAGGAA	5511062	5511089	-	5510184	5511086
FOR230	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTTTCCCAACACAGCTACAATGTAGATGATACAGAAGGGAA	5523181	5523220	-	5518465	5523217
FOR233	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTAAGTCTCAACTCACTGTGAGATGCCAAGAA	5531019	5531051	-	5525108	5531048
FOR237	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCTCATCACTCCCTTTAATAACAAATGAA	5535866	5535893	-	5532780	5535890
FOR241	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCAGCGTCAACATCAGACTATTACATTTAGAA	5548732	5548763	-	5545329	5548760
2. Gene desert region (ENr313) Chromosome 16						
GDFOR001	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTTTATGGGCAATCCCAATAAGGGAA	60845555	60845580	-	60833950	60845577
GDREV002	TTCTTCAAGTTTAAGTTTCTGTGTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60849095	60849118	5'-Phos	60845578	60849115
* GDFOR003	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCACTTTACCTATGGACTTGCCCTGAA	60851214	60851241	-	60849116	60851238
GDREV004	TTCCATAAGACATCATGAATTTGTTTTCTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60851766	60851794	5'-Phos	60851239	60851791
GDREV005	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTATGTGCTCACTATAACCTCAGCTATTTAGAA	60855909	60855938	-	60851792	60855935
* GDREV006	TTCAATATGATGTTGGCTGTGGAATGTCATAATCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60858502	60858534	5'-Phos	60855936	60858531
GDFOR007	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCAACGTAGTTTGAAGGTTGAGTGAGAA	60866944	60866971	-	60858532	60866968
GDREV008	TTCAAAATATTAGCTTTTATGACAGGCTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60873850	60873876	5'-Phos	60866969	60873873
GDFOR009	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTTGTGGGCTGCGCTTCATTTCTGATGGAGAA	60876630	60876660	-	60873874	60876657
GDREV010	TTCTATTGCTCTGCATTGATTGGAAGTTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60877663	60877692	5'-Phos	60876658	60877689
GDREV011	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTTACTAGCAATCTGACAAATAGTAGGAA	60880001	60880029	-	60877690	60880026
GDREV012	TTCTATTCTTTTAAAGGTTGTGGCTCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60880385	60880410	5'-Phos	60880027	60880407
GDREV013	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCCAAGCATCAGCATTAACAAGTAAATGGAA	60882444	60882472	-	60880408	60882469
GDREV014	TTCTATAAGTTAATTAATCACTATTTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60891170	60891195	5'-Phos	60882470	60891192
GDFOR015	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGTTACATAACAACATAGATGTAATGATGGAA	60894533	60894562	-	60891193	60894559
GDREV016	TTCTAGTTTCAGGAGATAAAGTTATATCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60894683	60894709	5'-Phos	60894560	60894706
GDREV017	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCGCCCAAAAGCAGTGAAGGGGAA	60905463	60905486	-	60894707	60905483
GDREV018	TTCTACCGTGGGATAGAGGAAGGGCTCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60908394	60908420	5'-Phos	60905484	60908417
GDREV019	CTGTCCAACCTAATACGACTCACTATAGCCTCAAGAGCTGAACCAATTTGCTCCAGAA	60908658	60908687	-	60908418	60908684
* GDREV020	TTCCACTTATTATATAATTTATTTATCCCTTTAGTGAGGGTTAATAGTCGGACTC	60908781	60908806	5'-Phos	60908685	60908803