

| Name | Sequences |
|---------------|--|
| YRA1-3 | ACTTGAAGAACTATAAAAAGGCCGC |
| YRA1-4 | GTGTGCCATATCCTTCCTTACAAA |
| YRA1-5 | GTATGTTAATACGTGAAATGAGAGCT |
| YRA1-6 | GAGTTGCCAAGCTCTTGGACACCACTA |
| YRA1-7 | TCATGAAAGACATGTTTCCCATAGCTA |
| YRA1-p1 | AGCTCTCATTTACGTATTAACATAC |
| YRA1-BglII-F | ACCTAGATCTGCTAAATGTCTGCTAACTTAGATA |
| YRA1-BglII-R | TAGCAGATCTAGGTATTTTCTTAATATGGATTCTTA |
| YRA1-StyI-R | TGCTTAATGTCCCTTGGCAAACCTTCG |
| YRA1-DU-R2 | TAGCAGATCTTTATCTATTTGTCTTCGATAGTTTTCG |
| YRA1-DI-5' | GATCGAATTCCTCCTTGATTGTTTGTGATTGTCC |
| YRA1-DI-F1 | GATCGAATTCAGAATGGGTTTGTCTTATTGGCTG |
| YRA1-DI-F1A | GATCGAATTCGTCTTATTGGCTGGGTTAACTCAAAT |
| YRA1-DI-F1B | GATCGAATTCCTGGGTTAACTCAAATCAATCTGACTAT |
| YRA1-DI-F1C | GATCGAATTCGGGTTTGTCTTATTGGCTGGGTTAAC |
| YRA1-DI-F1D | GATCGAATTCATTGGCTGGGTTAACTCAAATCAATC |
| YRA1-DI-F2 | GATCGAATTCCTCAACTGAAGTTGTGGAAGGATC |
| YRA1-DI-F5 | GATCGAATTCATTTTGTATCCTTTCAAGAGGGAGT |
| YRA1-DI-F6 | GATCGAATTCCTCAGTTTGAATGGCACCATTTTCA |
| YRA1-DI-F7 | GATCGAATTCCTAGCTATGGGAAACATGTCTTTCAT |
| YRA1-DI-F9 | GATCGAATTCAAAATATTTGATTTGAGACACCTAA |
| YRA1-DI-F12 | GATCGAATTCATGGTATACTTTTAATACTCTCAA |
| YRA1-DI-F13 | GATCGAATTCATCAATCTGACTATCTGCTAATCT |
| YRA1-DI-F14 | GATCGAATTCATTTTAAAGCTGGCGTATTGTGTC |
| YRA1-DI-F14A | GATCGAATTCGGCGTATTGTGTCGCCTCGACCGTGATA |
| YRA1-DI-F14B | GATCGAATTCGCCTCGACCGTGATAGTTAGTTCCTAT |
| YRA1-DI-F15 | GATCGAATTCCTGATAGTTAGTTCCTATTTTAATA |
| YRA1-DI-F15A | GATCGAATTCCTATTTTAAATAAGCGTATCATCCAAT |
| YRA1-DI-F15B | GATCGAATTCAGCGTATCATCCAATACTGAAGTTGTG |
| YRA1-DI-F15C | GATCGAATTCATCATCCAATACTGAAGTTGTGGAAGG |
| YRA1-DI-F16N | TACGCCATGGGAATTTTTTGCATCTCAAGTAGGTGGTG |
| YRA1-DI-F16 | GATCGAATTCGAATTTTTTGCATCTCAAGTAGGTGGTG |
| YRA1-DI-3' | AATCTTGATCTGCCTCCATCGATTG |
| YRA1-DI-R1 | GATCGAATTCAGCTCTCATTTACGTATTAACATA |
| YRA1-DI-R2 | GATCGAATTCCTTAGTTACTCGCATCGTCTCGTGTG |
| YRA1-DI-R3 | GATCGAATTCGAGAAATATTCTTTGTAAGGAAGGA |
| YRA1-DI-R4 | GATCGAATTCCTTACAGCATCCTGCTTAATGTCC |
| YRA1-R4-BamHI | TACGGGATCCTTTACAGCATCCTGCTTAATGTCC |
| YRA1-EcoRI-F | GATCAAGAATTCCTTTTTAGAGATGAA |
| YRA1-NcoI-F | TACGCCATGGTATACTTTTAATACTCTCAACTC |
| YRA1-NcoI-R | TATACCATGGCGTAGGAAAAATAAACCCCTCAAATAA |
| YRA1-NcoI-R9 | TACGCCATGGTGTAACTATCATAATAAAAAATGAAG |
| YRA1-NcoI-R7 | TACGCCATGGTTTTTGAATGGTGCCATTCGAAAC |
| YRA1-NcoI-R5 | TACGCCATGGTAATTGATCCTTCCACAACCTTCAGTAT |
| YRA1-NcoI-R2 | TACGCCATGGATGATACGCTTATTAATAATAGGAACT |
| YRA1-NcoI-R1 | TACGCCATGGCAGTGGTAGCTGGTAATTC AACCTTA |
| YRA1-NcoI-R6A | TACGCCATGGTCGAAACTGAAAGCTACTCCCTCTTGA |
| YRA1-NcoI-R6B | TACGCCATGGCTCTTGAAGGATACAAAATTAATTGA |

| | |
|-----------------|--|
| YRA1-NcoI-R6C | TACGCCATGGAAGCTACTCCCTCTTGAAAGGATACAAA |
| YRA1-SL31-F | GATCGGATCCCGCGGTTTCGCCGCGGGATCTAAAAATCTCCCTCGTTCTATTTGAAACTTT |
| YRA1-SL31P | GCGGCGAACCGCGGGATCTTTATCTAT |
| YRA1-MS2-I-R | GATCGAATTCGATGGATCCAGCTCTCATTTACGTATTAACATACTCTT |
| MS2-BamH-EcoR-F | GATCCAAAGTTGAGGATCACCCAAGTGTGCAGGTCGAGACTAGAAAAGTTGAGGATCACCCAAGT |
| MS2-BamH-EcoR-R | AATTCAGTTGGGTGATCCTCAACTTTTCTAGTCTCGACCTGCACAGTTGGGTGATCCTCAACTTTG |
| YRA1-BamHI-R | GATCGGATCCTTGATCAAAAGCGTGTGCCATATCCTTC |
| YRA1-RTF1 | AGCCTTCCAAACAGAAGAGGCCCTATC |
| YRA1-RTR1 | AAGTATTTGCGACTCTTTCTTCATCTC |
| CYH2-RTF1 | AAGACTAGAAAAGCACAGAGGTCACGTC |
| CYH2-RTR1 | AGTATGACAAAGGCTATGCACACTTTC |
| MS2-MEX67-F | GATCGCGGCCGCGCTAGCATGAGCGGATTTACAATGTTGGAATA |
| MS2-MEX67-R | GATCGTCGACGAGCTCATCAAAAGCTCTCTTAGATCTTTGAA |
| MEX67-5UTR-F | GATCGCGGCCGCGAGCGATGCAGATGTGTATAAAACTGTCA |
| MEX67-5UTR-R | GATCCCATGGTTTTTTTGGCTGCTATTAGCGATGCAGAATT |
| MEX67-F-S1 | CAGAGATTGTCAATCGGGCAAGAGTCC |
| MEX67-F-S2 | GACAACCAACTTAAGGACATCTCAGCA |
| SUB2-MS2-F | GATCGCGGCCGCGCTAGCATGTACACGAAGGTGAAGAAGATTTAT |
| SUB2-MS2-R | GATCGTCGACTCTAGATTCCAAAAATCTTACCGTTAAGAA |
| YRA1-NotI | GATCGCGGCCGCGCTCGAGGGTATATTAAGCTATTTTACCACT |
| YRA1-HA-NcoI-R | GATCCCATGGTTAGCAGATGTAGGATTTTCTTAATAT |
| YRA1-Nhe-F | CGGTGCTAGCATGGCTAACTTAGATAAATCCTTAGACGAAATC |
