

**Supplementary table S2:** Morphology, morphotype, and U-Th-Pb data of all zircons from samples D30, D43, D66, D66b, D67.

Number	grain	<sup>207</sup> Pb <sup>a</sup> (cps)	U <sup>b</sup> (ppm)	Pb <sup>b</sup> (ppm)	Th <sup>b</sup> U	<sup>206</sup> Pb <sup>c</sup> <sup>204</sup> Pb	<sup>206</sup> Pb <sup>c</sup> <sup>238</sup> U	2 σ	<sup>207</sup> Pb <sup>c</sup> <sup>235</sup> U	2 σ	<sup>207</sup> Pb <sup>c</sup> <sup>206</sup> Pb	2 σ	rho <sup>d</sup>	<sup>206</sup> Pb <sup>238</sup> U	2 σ	<sup>207</sup> Pb <sup>235</sup> U	2 σ	<sup>207</sup> Pb <sup>206</sup> Pb	2 σ	conc. %	length [μm]	width [μm]	width length	round- ness	surface	Pupin
<b>D30, quartzite, n = 98/140, 90-110% conc., Sebkhha Gezmayet unit, N22°52'30.60", W15°18'04.20"</b>																										
D30-seq1-a01	001	9677	84	10	0.33	900	0.10403	2.4	1.01259	4.6	0.07059	3.9	0.53	638	15	710	24	946	80	67	77	48	0.62	6	1	S24
D30-seq1-a02	002	50366	65	30	0.66	1233	0.35534	2.2	6.39064	2.7	0.13044	1.5	0.84	1960	38	2031	24	2104	26	93	135	60	0.45	8	2	x
D30-seq1-a03	003	17432	184	22	0.59	18787	0.09701	2.5	0.84713	2.9	0.06334	1.5	0.86	597	14	623	14	720	31	83	84	53	0.63	5	2	S06
D30-seq1-a04	004	264205	451	151	0.27	7039	0.30959	2.5	5.24870	2.7	0.12296	1.0	0.93	1739	39	1861	24	2000	18	87	89	49	0.55	7	2	S19
D30-seq1-a05	005	26804	103	14	0.56	361	0.10313	2.3	0.86819	7.1	0.06106	6.7	0.32	633	14	635	34	641	144	99	87	39	0.45	6	1	x
D30-seq1-a06	006	14287	167	19	0.36	5212	0.10472	2.3	0.88771	3.0	0.06148	1.9	0.77	642	14	645	14	656	41	98	97	46	0.48	5	2	S24
D30-seq1-a07	007	19118	190	21	0.39	3627	0.09940	2.7	0.83737	4.0	0.06110	3.0	0.67	611	16	618	19	643	64	95	133	61	0.46	8	1	x
D30-seq1-a08	008	125367	216	72	0.11	107763	0.32830	2.2	5.48990	2.5	0.12128	1.2	0.88	1830	34	1899	21	1975	21	93	98	53	0.54	8	1	x
D30-seq1-a09	009	98508	223	66	0.24	13278	0.27537	3.2	4.32524	3.4	0.11392	1.1	0.94	1568	45	1698	28	1863	20	84	75	54	0.72	7	1	x
D30-seq1-a10	010	134157	104	64	0.35	21682	0.53025	2.9	14.02626	3.1	0.19185	1.1	0.94	2743	66	2751	30	2758	18	99	123	63	0.51	9	1	x
D30-seq1-a11	011	10634	126	15	0.21	3923	0.12234	2.6	1.08738	4.7	0.06446	3.9	0.55	744	18	747	25	757	82	98	114	52	0.46	7	1	S25
D30-seq1-a12	012	24430	271	28	0.45	974	0.08839	3.0	0.74500	4.2	0.06113	3.0	0.72	546	16	565	19	644	63	85	86	56	0.65	8	2	x
D30-seq1-a13	013	17221	242	23	0.42	28704	0.08907	2.1	0.76797	2.6	0.06253	1.5	0.82	550	11	579	12	692	32	79	95	41	0.42	7	1	x
D30-seq1-a14	014	12165	149	15	0.15	982	0.10195	2.4	0.85615	3.7	0.06091	2.8	0.65	626	14	628	17	636	60	98	116	78	0.68	7	2	S24
D30-seq1-a15	015	13740	170	19	0.84	738	0.08822	2.4	0.69242	5.4	0.05692	4.8	0.45	545	13	534	23	489	106	112	85	43	0.51	7	2	S23
D30-seq1-a16	016	36927	526	49	0.45	999	0.08510	2.5	0.72108	3.5	0.06145	2.4	0.71	526	12	551	15	655	52	80	95	49	0.51	6	2	S07
D30-seq1-a17	017	18282	248	22	0.36	701	0.08230	3.5	0.70548	5.8	0.06217	4.6	0.61	510	17	542	24	680	98	75	63	47	0.74	7	2	x
D30-seq1-a18	018	46050	504	55	0.46	550	0.09779	2.5	0.80934	3.7	0.06002	2.7	0.67	601	14	602	17	604	59	100	92	45	0.48	8	2	x
D30-seq1-a19	019	27366	370	37	0.44	4278	0.09153	2.2	0.79780	2.9	0.06321	1.8	0.77	565	12	596	13	715	39	79	110	42	0.38	4	1	S24
D30-seq1-a20	020	295256	997	184	0.24	3893	0.15675	5.8	2.49274	6.0	0.11534	1.8	0.95	939	50	1270	45	1885	33	50	124	66	0.53	8	2	x
D30-seq1-a21	021	7594	103	12	0.62	13045	0.10048	2.4	0.83837	3.8	0.06051	2.9	0.64	617	14	618	18	622	63	99	75	53	0.71	6	1	S24
D30-seq1-a22	022	5234	52	6	0.53	294	0.09838	2.2	1.43997	9.0	0.10615	8.8	0.25	605	13	906	56	1734	161	35	99	47	0.48	6	2	x
D30-seq1-a23	023	30679	60	26	0.70	1225	0.38031	2.6	6.95034	3.1	0.13255	1.5	0.86	2078	47	2105	27	2132	27	97	91	37	0.41	8	1	x
D30-seq1-a24	024	58443	159	60	0.43	6901	0.34734	2.2	5.89774	2.4	0.12315	1.0	0.91	1922	37	1961	21	2002	18	96	84	42	0.49	8	3	x
D30-seq1-a25	025	12102	134	18	0.35	19576	0.12549	2.3	1.11419	3.1	0.06439	2.1	0.74	762	17	760	17	755	44	101	116	69	0.60	6	1	S22
D30-seq1-a26	026	144575	135	82	0.34	77619	0.52622	2.2	14.10330	2.7	0.19438	1.5	0.83	2725	49	2757	25	2780	24	98	131	66	0.51	8	2	x
D30-seq1-a27	027	7349	122	13	0.42	2195	0.10032	2.7	0.83475	4.2	0.06035	3.2	0.64	616	16	616	20	616	69	100	119	78	0.65	8	2	x
D30-seq1-a28	028	63615	135	79	1.55	6467	0.35706	2.3	6.30462	2.5	0.12806	1.0	0.92	1968	39	2019	22	2072	18	95	175	72	0.41	8	2	x
D30-seq1-a29	029	102477	217	80	0.09	85086	0.36700	2.5	6.35798	2.8	0.12565	1.4	0.87	2015	43	2026	25	2038	25	99	125	67	0.54	9	1	x
D30-seq1-a30	030	6677	100	11	0.34	11442	0.10221	2.1	0.85561	3.1	0.06071	2.3	0.68	627	13	628	15	629	50	100	145	46	0.32	7	2	S25
D30-seq1-a31	031	161501	241	127	0.29	31069	0.47916	2.3	11.45019	2.5	0.17331	1.1	0.90	2524	48	2561	24	2590	18	97	170	91	0.54	9	2	x
D30-seq1-a32	032	23052	73	26	0.31	19208	0.32577	2.3	4.98750	2.9	0.11104	1.7	0.80	1818	36	1817	25	1816	31	100	77	62	0.81	7	2	S24
D30-seq1-a33	033	17181	328	35	0.37	29593	0.09877	2.4	0.82391	3.0	0.06050	1.8	0.81	607	14	610	14	621	39	98	162	71	0.44	9	2	x
D30-seq1-a34	034	24818	441	47	0.48	6279	0.09372	2.4	0.80145	2.8	0.06202	1.4	0.86	578	13	598	13	675	31	86	115	63	0.55	6	2	S08
D30-seq1-a35	035	9849	169	23	0.47	4260	0.12179	2.4	1.08613	4.2	0.06468	3.5	0.57	741	17	747	23	764	73	97	92	69	0.75	7	2	x
D30-seq1-a36	036	9565	192	22	0.43	7999	0.10231	3.0	0.86392	3.9	0.06124	2.4	0.79	628	18	632	18	648	51	97	104	68	0.65	5	2	S24
D30-seq1-a37	037	6500	123	15	0.52	10996	0.10456	2.4	0.88879	3.9	0.06165	3.0	0.62	641	15	646	19	662	65	97	131	53	0.40	6	2	S25
D30-seq1-a38	038	11431	223	25	0.32	12808	0.10666	2.6	0.90785	4.6	0.06173	3.8	0.57	653	16	656	22	665	81	98	108	63	0.58	7	2	S25
D30-seq1-a39	039	10783	212	19	0.44	845	0.08220	3.6	0.91645	4.8	0.08086	3.2	0.75	509	18	660	24	1218	63	42	79	53	0.67	6	1	x
D30-seq1-a40	040	14283	288	33	0.83	1509	0.09274	2.2	0.91578	3.3	0.07162	2.5	0.67	572	12	660	16	975	50	59	107	52	0.49	5	2	S08
D30-seq1-a41	041	74005	139	88	0.75	9638	0.51962	3.2	13.47440	3.5	0.18807	1.3	0.93	2698	71	2713	33	2725	21	99	105	58	0.55	8	3	x
D30-seq1-a42	042	4687	89	10	0.46	550	0.10274	2.6	1.11368	5.8	0.07862	5.2	0.44	630	15	760	31	1163	103	54	108	68	0.63	6	2	S13
D30-seq1-a43	043	13661	331	35	0.40	22818	0.09654	2.3	0.83402	3.3	0.06266	2.4	0.69	594	13	616	15	697	51	85	142	55	0.39	6	2	S13
D30-seq1-a44	044	7776	196	20	0.48	2022	0.09795	3.0	0.90631	3.9	0.06711	2.6	0.75	602	17	655	19	841	54	72	94	48	0.51	4	2	S25
D30-seq1-a45	045	9867	226	22	0.55	909	0.08456	3.0	0.91100	5.2	0.07814	4.2	0.58	523	15	658	25	1150	84	45	91	54	0.59	5	1	S03
D30-seq1-a46	046	365	4	0	0.62	206	0.09670	17.9	1.99275	94.3	0.14946	92.6	0.19	595	102	1113	1003	2340	1584	25	91	48	0.52	8	1	x
D30-seq1-a47	047	6340	189	18	0.47	10669	0.09121	2.2	0.77900	4.1	0.06194	3.5	0.54	563	12	585	19	672	74	84	86	40	0.47	3	1	S24
D30-seq1-a48	048	1218	42	4	0.60	216	0.08760	3.4	0.94541	14.1	0.07827	13.7	0.24	541	18	676	72	1154	272	47	80	51	0.64	7	1	x

D30-seq1-a49	049	24195	182	59	0.23	4385	0.30981	3.0	4.58080	3.8	0.10724	2.3	0.79	1740	46	1746	32	1753	43	<b>99</b>	100	62	0.62	8	1	x
D30-seq1-a50	050	5917	99	12	0.49	392	0.10757	2.1	1.33689	5.1	0.09014	4.6	0.42	659	13	862	30	1428	88	46	115	66	0.58	7	1	S22
D30-seq1-a51	051	75080	301	110	0.09	59848	0.36003	2.3	6.50441	2.6	0.13103	1.3	0.86	1982	39	2046	23	2112	23	<b>94</b>	119	61	0.51	7	2	x
D30-seq1-a52	052	4657	175	20	0.60	2407	0.10216	2.3	0.85926	6.5	0.06100	6.1	0.35	627	14	630	31	639	131	<b>98</b>	84	46	0.54	5	1	S22
D30-seq1-a53	053	141581	1036	242	0.11	14363	0.23098	2.6	3.69161	2.9	0.11591	1.1	0.93	1340	32	1570	23	1894	19	71	116	72	0.62	8	2	x
D30-seq1-a54	054	50897	230	89	0.17	41819	0.37059	2.6	6.49469	2.9	0.12711	1.4	0.88	2032	45	2045	26	2058	25	<b>99</b>	141	104	0.74	7	2	S25
D30-seq1-a55	055	259651	740	388	0.21	152229	0.48682	2.2	11.91684	2.4	0.17754	1.0	0.91	2557	46	2598	23	2630	16	<b>97</b>	82	52	0.64	8	1	x
D30-seq1-a56	056	27575	218	74	0.37	5910	0.32338	2.5	4.88983	3.0	0.10967	1.6	0.85	1806	40	1801	26	1794	29	<b>101</b>	167	42	0.25	7	1	J5
D30-seq1-a57	057	131737	391	201	0.28	78134	0.46849	2.1	11.33577	2.3	0.17549	0.8	0.93	2477	44	2551	21	2611	14	<b>95</b>	94	62	0.67	9	2	x
D30-seq1-a58	058	14646	614	62	0.40	3622	0.09185	2.7	0.80392	3.2	0.06348	1.8	0.84	566	15	599	15	724	37	78	93	53	0.57	6	2	S18
D30-seq1-a59	059	5751	275	36	1.08	10039	0.09308	2.6	0.76143	4.0	0.05933	3.0	0.66	574	14	575	18	579	65	<b>99</b>	181	121	0.67	10	3	x
D30-seq1-a60	060	4281	94	10	0.51	6522	0.09876	2.6	0.82669	3.5	0.06071	2.4	0.73	607	15	612	16	629	52	<b>97</b>	82	53	0.65	2	1	S17
D30-seq2-b01	061	48455	156	20	0.35	191	0.09919	2.3	0.82309	3.8	0.06018	3.0	0.62	610	14	610	18	610	64	<b>100</b>	142	78	0.55	6	1	S25
D30-seq2-b02	062	23526	173	20	0.53	1088	0.10076	2.0	0.84066	3.7	0.06051	3.1	0.53	619	12	620	17	622	67	<b>100</b>	80	51	0.64	7	2	S24
D30-seq2-b03	062B	49299	243	31	0.58	317	0.10050	2.4	0.87212	3.6	0.06294	2.8	0.65	617	14	637	17	706	59	87	91	51	0.56	6	2	S08
D30-seq2-b04	063	14621	115	13	0.26	4198	0.10871	2.1	0.91751	2.5	0.06121	1.4	0.82	665	13	661	12	647	31	<b>103</b>	117	50	0.43	4	1	S22
D30-seq2-b05	064	93977	102	43	0.46	77070	0.35546	2.0	6.08816	2.3	0.12422	1.1	0.87	1961	34	1989	21	2018	20	<b>97</b>	144	65	0.45	8	2	x
D30-seq2-b06	065	37366	301	38	0.67	27200	0.10328	2.0	0.86301	2.3	0.06060	1.1	0.88	634	12	632	11	625	23	<b>101</b>	129	96	0.74	8	2	x
D30-seq2-b07	066	130801	153	68	0.66	11113	0.34618	2.0	5.86615	2.2	0.12290	0.9	0.92	1916	34	1956	19	1999	16	<b>96</b>	134	74	0.56	9	2	x
D30-seq2-b08	067	53439	488	47	0.19	38045	0.09431	2.0	0.77414	2.2	0.05953	0.9	0.91	581	11	582	10	587	20	<b>99</b>	123	82	0.66	7	2	S03
D30-seq2-b09	068	15785	144	15	0.28	7302	0.10254	3.4	0.86092	4.4	0.06089	2.8	0.77	629	20	631	21	635	60	<b>99</b>	124	61	0.49	5	2	x
D30-seq2-b10	069	40260	369	38	0.22	69734	0.10105	2.0	0.81944	2.4	0.05881	1.3	0.82	621	12	608	11	560	29	111	166	66	0.40	8	2	x
D30-seq2-b11	070	207155	176	85	0.32	5053	0.43173	1.8	9.20319	2.0	0.15460	0.8	0.92	2314	35	2358	18	2397	13	<b>96</b>	155	83	0.54	8	2	x
D30-seq2-b12	071	17115	164	21	0.89	10726	0.09799	2.1	0.81753	2.6	0.06051	1.6	0.78	603	12	607	12	622	35	<b>97</b>	121	63	0.52	7	2	S24
D30-seq2-b13	072	21910	179	21	0.37	7360	0.11199	2.0	0.96344	2.5	0.06239	1.5	0.79	684	13	685	13	688	33	<b>100</b>	162	44	0.27	7	2	x
D30-seq2-b14	073	15214	132	16	0.62	1247	0.10354	2.4	0.80185	3.8	0.05617	2.9	0.63	635	14	598	17	459	65	138	149	77	0.52	6	2	S12
D30-seq2-b15	074	10608	97	10	0.34	1585	0.08916	2.2	0.89241	4.5	0.07259	4.0	0.49	551	12	648	22	1003	80	55	140	77	0.55	7	2	x
D30-seq2-b16	075	128592	92	46	0.13	24518	0.46645	2.7	10.34454	3.1	0.16084	1.4	0.89	2468	56	2466	29	2465	23	<b>100</b>	129	60	0.47	8	2	x
D30-seq2-b17	076	86572	123	44	0.31	14142	0.31910	2.2	4.92789	2.5	0.11200	1.0	0.91	1785	35	1807	21	1832	19	<b>97</b>	120	58	0.48	7	2	S23
D30-seq2-b18	077	15417	129	16	0.36	7210	0.11063	2.0	0.94824	3.3	0.06216	2.7	0.59	676	13	677	17	680	57	<b>100</b>	132	81	0.61	7	2	S25
D30-seq2-b19	078	206205	151	89	0.78	132202	0.43995	2.0	9.63428	2.3	0.15882	1.1	0.88	2350	39	2400	21	2443	18	<b>96</b>	123	63	0.51	7	1	S08
D30-seq2-b20	079	11612	104	12	0.44	20157	0.10332	2.2	0.83666	2.8	0.05873	1.8	0.77	634	13	617	13	557	40	114	163	59	0.36	8	3	x
D30-seq2-b21	080	35507	258	30	0.33	1446	0.10927	2.2	0.94502	3.1	0.06273	2.2	0.70	668	14	676	15	699	48	<b>96</b>	189	79	0.42	10	3	x
D30-seq2-b22	081r	30291	515	54	0.29	51005	0.10078	2.2	0.83998	2.4	0.06045	0.9	0.92	619	13	619	11	620	19	<b>100</b>	104	64	0.62	7	2	S23
D30-seq2-b23	081c	12482	195	25	0.57	20705	0.10863	2.4	0.92230	2.9	0.06158	1.7	0.80	665	15	664	14	659	37	<b>101</b>						
D30-seq2-b24	082	166107	175	73	0.22	123283	0.38387	2.0	7.25609	2.3	0.13710	1.0	0.89	2094	36	2143	20	2191	18	<b>96</b>	165	74	0.45	8	2	x
D30-seq2-b25	083	88423	62	34	0.41	31302	0.45660	2.2	10.52690	2.4	0.16721	1.0	0.91	2425	44	2482	22	2530	16	<b>96</b>	128	79	0.62	7	1	S12
D30-seq2-b26	084	35161	328	33	0.15	7555	0.10369	2.8	0.87753	3.5	0.06138	2.2	0.78	636	17	640	17	653	47	<b>97</b>	175	58	0.33	9	4	x
D30-seq2-b27	085	7707	70	9	0.51	13252	0.10892	2.3	0.93819	4.5	0.06247	3.9	0.52	666	15	672	23	690	83	<b>97</b>	91	66	0.72	5	1	S13
D30-seq2-b28	086	151096	180	77	0.44	61784	0.36207	2.4	6.07426	2.7	0.12167	1.2	0.89	1992	41	1987	24	1981	22	<b>101</b>	96	57	0.59	8	1	x
D30-seq2-b29	087	10258	88	8	0.49	1149	0.08437	2.0	0.69509	5.5	0.05975	5.1	0.37	522	10	536	23	595	110	88	111	66	0.59	7	2	S20
D30-seq2-b30	088	15505	145	15	0.24	1684	0.10265	3.7	0.97799	4.8	0.06910	3.0	0.78	630	22	693	24	902	61	70	98	56	0.57	6	1	S23
D30-seq2-b31	089	9982	78	9	0.42	1139	0.10297	2.4	0.86379	6.0	0.06084	5.5	0.40	632	14	632	28	634	118	<b>100</b>	128	89	0.70	7	3	S25/S23
D30-seq2-b32	090	24583	214	24	0.44	1016	0.10272	2.4	0.85888	3.7	0.06064	2.8	0.65	630	15	630	18	627	61	<b>101</b>	133	44	0.33	8	2	x
D30-seq2-b33	091	11339	99	13	0.65	3465	0.10660	2.4	0.94889	4.4	0.06456	3.7	0.55	653	15	678	22	760	78	86	129	68	0.52	9	1	x
D30-seq2-b34	092	363803	169	117	0.35	161454	0.58285	2.9	18.44920	3.8	0.22957	2.4	0.77	2960	69	3013	37	3049	38	<b>97</b>	152	79	0.52	10	2	x
D30-seq2-b35	093	18072	156	20	0.68	29638	0.10575	2.0	0.90501	2.5	0.06207	1.5	0.80	648	12	654	12	676	32	<b>96</b>	154	64	0.42	9	1	x
D30-seq2-b36	094	7253	59	7	0.45	5062	0.11183	2.3	0.96239	3.2	0.06242	2.1	0.74	683	15	685	16	688	46	<b>99</b>	134	61	0.46	6	1	S12
D30-seq2-b37	095	19710	196	21	0.40	1136	0.09745	2.0	0.81717	2.8	0.06082	1.9	0.73	599	12	606	13	633	41	<b>95</b>	161	109	0.67	6	2	S24
D30-seq2-b38	096	47721	248	36	0.43	327	0.12413	2.5	1.09952	3.5	0.06424	2.4	0.72	754	18	753	19	750	51	<b>101</b>	146	78	0.54	6	2	S25
D30-seq2-b39	097	7002	61	8	0.62	11075	0.10277	2.1	0.86645	2.9	0.06115	2.1	0.71	631	13	634	14	644	44	<b>98</b>	124	55	0.44	7	2	S25
D30-seq2-b40	098	31857	308	31	0.24	10071	0.09802	1.9	0.81823	2.7	0.06054	1.9	0.71	603	11	607	12	623	40	<b>97</b>	178	52	0.29	6	2	S25
D30-seq2-b41	099	34475	3																							

D30-seq2-b45	103	6117	58	7	0.52	10690	0.10312	2.2	0.82870	3.2	0.05828	2.3	0.69	633	13	613	15	540	51	117	189	89	0.47	7	3	S24	
D30-seq2-b46	104	5949	50	7	0.58	9664	0.11181	2.3	0.96551	3.0	0.06263	2.0	0.74	683	15	686	15	696	43	98	153	85	0.55	7	2	x	
D30-seq2-b47	105	32615	307	32	0.29	9587	0.09924	2.2	0.83704	2.4	0.06118	1.1	0.88	610	13	618	11	645	24	95	129	65	0.50	6	2	x	
D30-seq2-b48	106	43787	293	35	0.39	579	0.10587	2.5	0.86741	3.2	0.05942	2.0	0.78	649	15	634	15	583	43	111	105	68	0.64	7	2	x	
D30-seq2-b49	107	53305	577	56	0.40	5031	0.08744	2.0	0.73898	2.2	0.06129	0.9	0.91	540	10	562	10	650	20	83	95	63	0.67	7	1	D	
D30-seq2-b50	108	25423	39	16	0.60	4880	0.32807	2.4	5.16105	2.7	0.11410	1.2	0.90	1829	39	1846	23	1866	21	98	93	76	0.81	7	2	S24	
D30-seq2-b51	109	23315	224	26	0.56	39020	0.10107	2.3	0.84770	2.9	0.06083	1.6	0.82	621	14	623	13	633	35	98	110	63	0.58	6	1	S09	
D30-seq2-b52	110	23904	248	31	0.59	2905	0.10790	2.2	0.91313	2.8	0.06138	1.8	0.76	661	14	659	14	653	39	101	162	81	0.50	8	3	x	
D30-seq2-b53	111	8494	85	11	0.73	6152	0.10198	2.1	0.82490	2.9	0.05867	1.9	0.74	626	13	611	13	555	42	113	148	72	0.49	8	2	x	
D30-seq2-b54	112	21733	210	23	0.41	14168	0.10072	2.4	0.84624	2.7	0.06093	1.3	0.88	619	14	623	13	637	28	97	138	66	0.48	7	2	x	
D30-seq2-b55	113	42483	443	54	0.67	1234	0.10076	2.2	0.83431	2.4	0.06005	0.9	0.92	619	13	616	11	605	20	102	161	87	0.54	5	2	S08	
D30-seq2-b56	114	189645	77	59	0.42	37530	0.62166	2.3	20.69214	2.4	0.24141	0.7	0.95	3117	58	3124	24	3129	12	100	150	64	0.43	8	1	x	
D30-seq2-b57	114B	28696	283	29	0.30	5013	0.09739	2.1	0.80520	2.9	0.05997	2.1	0.71	599	12	600	13	602	45	99	132	57	0.43	7	2	S25	
D30-seq2-b58	115	9792	91	10	0.24	16649	0.11199	2.0	0.96970	3.8	0.06280	3.2	0.53	684	13	688	19	701	68	98	140	83	0.59	8	1	x	
D30-seq2-b59	116	167619	246	91	0.46	21648	0.31079	5.0	5.61351	5.2	0.13100	1.3	0.97	1745	78	1918	46	2111	22	83	148	79	0.54	8	2	x	
D30-seq2-b60	117	29880	303	30	0.34	3666	0.09431	2.0	0.87252	3.9	0.06710	3.3	0.52	581	11	637	18	841	69	69	90	47	0.52	6	1	S24	
D30-seq3-c01	118	39173	431	45	0.31	39894	0.09863	1.9	0.82608	2.3	0.06074	1.3	0.83	606	11	611	11	630	28	96	160	68	0.42	7	3	x	
D30-seq3-c02	119	10390	85	11	0.62	780	0.10421	2.1	0.84569	7.0	0.05886	6.7	0.30	639	13	622	33	562	146	114	172	97	0.56	6	2	S25	
D30-seq3-c03	120	16076	180	21	0.38	2117	0.10624	2.1	0.96758	3.3	0.06606	2.5	0.64	651	13	687	17	808	53	81	113	42	0.37	6	1	S24	
D30-seq3-c04	121	29864	306	36	0.56	32052	0.09846	1.3	0.82421	1.8	0.06071	1.3	0.70	605	7	610	8	629	28	96	123	71	0.58	6	2	S24/S25	
D30-seq3-c05	122	17775	160	22	0.53	12158	0.11993	2.0	1.05988	2.8	0.06410	2.0	0.71	730	14	734	15	745	41	98	143	60	0.42	8	2	x	
D30-seq3-c06	123	15927	152	20	0.58	1992	0.10959	1.4	0.93368	3.4	0.06179	3.1	0.40	670	9	670	17	667	67	101	120	62	0.52	6	2	S24	
D30-seq3-c07	124	12556	128	15	0.37	10359	0.10553	1.6	0.88769	2.1	0.06101	1.3	0.76	647	10	645	10	639	29	101	160	92	0.57	8	2	x	
D30-seq3-c08	125	295809	442	171	0.22	27413	0.36489	1.4	6.27098	1.5	0.12464	0.5	0.95	2005	24	2014	13	2024	8	99	110	65	0.59	10	2	x	
D30-seq3-c09	126	12598	131	15	0.44	6274	0.09844	1.4	0.84562	2.8	0.06230	2.4	0.52	605	8	622	13	684	50	88	132	72	0.55	7	2	S19	
D30-seq3-c10	127	11798	130	12	0.41	1912	0.08533	1.8	0.77043	2.8	0.06548	2.1	0.65	528	9	580	12	790	45	67	100	50	0.50	8	2	x	
D30-seq3-c11	128	15735	168	21	0.60	26338	0.10381	2.0	0.87213	2.4	0.06093	1.3	0.83	637	12	637	11	637	29	100	115	70	0.61	6	2	S18	
D30-seq3-c12	129	19816	200	22	0.66	6448	0.08571	1.7	0.76348	2.6	0.06460	1.9	0.68	530	9	576	11	761	40	70	91	54	0.60	5	1	S20	
D30-seq3-c13	130	362894	365	178	0.24	37093	0.44238	1.5	9.55006	1.8	0.15657	1.0	0.84	2361	30	2392	17	2419	17	98	107	58	0.54	9	2	x	
D30-seq3-c14	131	72268	60	29	0.52	43452	0.41130	1.4	9.63130	1.6	0.16983	0.8	0.86	2221	27	2400	15	2556	14	87	116	73	0.63	5	2	S19	
D30-seq3-c15	132	82182	153	54	0.33	596	0.32042	2.1	4.78995	2.6	0.10842	1.5	0.82	1792	33	1783	22	1773	27	101	130	64	0.49	5	2	S24	
D30-seq3-c16	133	46797	617	52	0.42	1173	0.07606	1.6	0.62732	2.3	0.05982	1.6	0.72	473	8	494	9	597	34	79	150	71	0.47	8	3	x	
D30-seq3-c17	134	11196	120	14	0.27	19205	0.11271	1.6	0.97525	4.1	0.06275	3.7	0.38	688	10	691	21	700	80	98	151	70	0.46	9	3	x	
D30-seq3-c18	135	59619	258	44	0.10	64997	0.16773	1.9	2.10262	2.1	0.09092	0.9	0.90	1000	17	1150	14	1445	18	69	152	97	0.64	7	2	S13	
D30-seq3-c19	136	22461	34	12	0.74	226	0.26252	2.3	3.92285	5.0	0.10838	4.4	0.47	1503	31	1618	41	1772	80	85	139	59	0.42	8	2	x	
D30-seq3-c20	137	216841	371	133	0.15	183307	0.34634	1.5	5.77188	1.7	0.12087	0.9	0.87	1917	25	1942	15	1969	15	97	142	57	0.40	7	2	S24	
D30-seq3-c21	138	54321	85	40	0.78	15386	0.35101	1.4	6.01401	1.8	0.12426	1.1	0.77	1939	23	1978	16	2018	20	96	111	58	0.53	8	2	x	
D30-seq3-c22	139	6189	63	7	0.28	1385	0.11070	2.0	0.94639	2.7	0.06200	1.7	0.76	677	13	676	13	674	37	100	133	63	0.47	8	3	x	
D30-seq3-c23	140	2248	24	3	0.45	1316	0.11371	2.0	0.98348	4.6	0.06273	4.1	0.44	694	13	695	23	699	87	99	143	75	0.52	8	2	x	
D30-seq3-c24	141	278101	182	110	0.10	60511	0.56184	1.5	16.67981	1.6	0.21532	0.5	0.94	2874	34	2917	15	2946	9	98	112	64	0.57	9	1	x	
D30-seq3-c25	142	54869	84	38	0.55	45283	0.37276	1.5	6.36458	1.7	0.12383	1.0	0.83	2042	26	2027	15	2012	17	101	144	80	0.56	8	2	x	
D30-seq3-c26	143	12088	74	10	0.42	272	0.10183	2.1	1.65536	7.5	0.11790	7.2	0.28	625	12	992	48	1925	128	32	113	61	0.54	7	1	x	
D30-seq3-c27	144	45129	95	28	0.35	23167	0.25246	2.2	3.94392	2.6	0.11330	1.4	0.83	1451	28	1623	21	1853	26	78	133	66	0.50	6	2	S12	
D30-seq3-c28	145	22503	267	28	0.25	33959	0.09988	1.4	0.83412	1.8	0.06057	1.2	0.76	614	8	616	9	624	26	98	129	65	0.50	7	2	S20/S18	
D30-seq3-c29	146	21131	248	33	0.73	35681	0.10693	1.4	0.91002	3.1	0.06172	2.8	0.44	655	9	657	15	665	59	99	102	60	0.58	6	1	S07	
<b>D43, mylonite, n = 2/6, 90-110% conc., Sebkhya Gezmayet unit, N22°36'27.66", W15°34'06.60"</b>																											
D43-seq1-a01	001	254380	329	107	0.64	1055	0.24869	1.9	4.25574	2.0	0.12411	0.8	0.92	1432	24	1685	17	2016	14	71	88	48	0.55	6	2	S23	
D43-seq1-a02	002	38281	196	32	0.67	31294	0.15313	1.4	1.46804	1.8	0.06953	1.1	0.79	918	12	917	11	915	22	100	116	51	0.44	8	3	x	
D43-seq1-a03	003	146456	157	55	1.09	360	0.27836	1.6	4.88464	1.9	0.12727	1.0	0.84	1583	23	1800	16	2061	18	77	70	55	0.78	7	2	x	
D43-seq1-a04	004	63344	79	28	1.00	2027	0.30789	1.7	5.64062	2.4	0.13287	1.7	0.71	1730	25	1922	21	2136	29	81	78	48	0.61	7	3	S24	
D43-seq1-a05	005	21000	202	19	0.42	11138	0.09580	1.5	0.78743	3.1	0.05961	2.7	0.48	590	8	590	14	590	58	100	81	69	0.85	8	2	x	
D43-seq1-a06	006	238601	369	102	0.38	5395	0.25433	2.5	4.40959	2.6	0.12575	0.5	0.98	1461	33	1714	22	2039	9	72	87	54	0.61	6	3	S24	
<b>D66, quartzitic sandstone, n = 62/114, 90-110% conc., Sebkhya Gezmayet unit, N22°38'30.72", W15°25'46.92"</b>																											
D66-seq1-a01	001	48402	906	98	0.18	5599	0.04673	1.7	0.34365	2.2	0.05333	1.4	0.76	294	5	300	6	343	32	86	81	59	0.72	7	1	x	
D66-seq1-a02	002	64693	506	54	0.29	3270	0.																				

D66-seq1-a04	004	56815	518	49	0.38	4466	0.08816	1.7	0.70884	1.9	0.05831	0.8	0.89	545	9	544	8	542	18	<b>101</b>	60	40	0.66	6	2	x
D66-seq1-a05	005	83430	707	68	0.21	2623	0.08877	1.8	0.71551	2.1	0.05846	1.1	0.85	548	9	548	9	547	24	<b>100</b>	107	67	0.63	5	2	S20
D66-seq1-a06	006	92443	865	84	0.08	5152	0.08738	2.1	0.70301	2.3	0.05835	0.9	0.93	540	11	541	10	543	19	<b>99</b>	73	58	0.79	5	2	S05
D66-seq1-a07	007	78835	687	68	0.09	4477	0.08740	1.6	0.70262	1.9	0.05831	1.0	0.86	540	8	540	8	541	21	<b>100</b>	75	43	0.58	6	2	S18
D66-seq1-a08	008	86841	750	67	0.18	23339	0.07847	1.7	0.62307	1.9	0.05759	0.7	0.93	487	8	492	7	514	15	<b>95</b>	89	53	0.60	5	1	P4
D66-seq1-a09	009	56780	470	46	0.33	62700	0.08803	1.7	0.71447	2.0	0.05887	1.1	0.84	544	9	547	9	562	24	<b>97</b>	51	29	0.57	6	2	S05
D66-seq1-a10	010	26143	481	50	0.32	2527	0.04492	1.8	0.35296	2.3	0.05698	1.4	0.80	283	5	307	6	491	30	<b>58</b>	91	65	0.71	7	1	x
D66-seq1-a11	011	15917	283	40	0.54	4736	0.04330	2.0	0.35007	2.9	0.05864	2.2	0.68	273	5	305	8	554	47	<b>49</b>	59	59	0.99	7	2	x
D66-seq1-a12	012	26815	415	67	0.40	2344	0.04619	2.5	0.33316	5.0	0.05231	4.3	0.51	291	7	292	13	299	98	<b>97</b>	58	34	0.59	7	1	x
D66-seq1-a13	013	19873	389	45	0.39	4182	0.04047	1.8	0.30455	2.4	0.05457	1.7	0.73	256	4	270	6	395	37	<b>65</b>	105	70	0.67	6	2	S24
D66-seq1-a14	014	28133	371	44	0.39	581	0.04769	1.8	0.35675	5.0	0.05426	4.7	0.36	300	5	310	13	382	105	<b>79</b>	63	49	0.78	9	3	x
D66-seq1-a15	015	78092	768	69	0.10	9171	0.07574	2.0	0.60844	2.2	0.05827	0.8	0.93	471	9	483	8	540	17	<b>87</b>	63	45	0.70	6	2	S24
D66-seq1-a16	016	137611	1343	138	0.07	94943	0.08885	1.8	0.68867	2.0	0.05621	0.9	0.88	549	9	532	8	461	21	<b>119</b>	73	44	0.60	5	2	S03
D66-seq1-a17	017	96551	909	84	0.07	32518	0.08028	2.2	0.65403	2.9	0.05909	1.8	0.78	498	11	511	12	570	39	<b>87</b>	79	47	0.59	7	2	S08
D66-seq1-a18	018	97879	932	94	0.08	11254	0.09000	1.7	0.72739	2.0	0.05862	1.1	0.84	556	9	555	9	553	24	<b>100</b>	63	46	0.72	5	2	S08
D66-seq1-a19	019	70233	643	66	0.25	98798	0.09132	1.7	0.74054	2.0	0.05882	1.0	0.86	563	9	563	9	560	22	<b>101</b>	80	50	0.63	5	1	S09
D66-seq1-a20	020	192474	2102	141	0.07	2863	0.05318	2.1	0.45247	2.9	0.06170	2.0	0.72	334	7	379	9	664	43	<b>50</b>	109	52	0.48	7	1	S23
D66-seq1-a21	021	3858	47	5	1.00	3090	0.08928	4.8	0.75395	7.7	0.06125	6.0	0.63	551	26	571	34	648	128	<b>85</b>	47	28	0.60	8	1	x
D66-seq1-a22	022	38008	703	44	0.29	3727	0.06032	2.1	0.46314	2.8	0.05568	1.8	0.75	378	8	386	9	440	41	<b>86</b>	91	52	0.57	8	2	x
D66-seq1-a23	023	24240	89	15	0.61	5410	0.12247	34.0	1.96577	46.0	0.11641	30.9	0.74	745	244	1104	369	1902	555	<b>39</b>	67	32	0.47	7	2	J3
D66-seq1-a24	024	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69	49	0.71	8	1	x
D66-seq1-a25	025	23353	325	42	0.44	556	0.04571	1.8	0.32815	5.7	0.05207	5.4	0.32	288	5	288	14	288	124	<b>100</b>	96	64	0.67	7	2	x
D66-seq1-a26	026	68157	528	55	0.41	1046	0.09109	1.7	0.74119	2.1	0.05901	1.3	0.79	562	9	563	9	568	28	<b>99</b>	98	49	0.50	6	2	S24
D66-seq1-a27	027	27679	312	25	0.55	4302	0.07351	1.9	0.61511	2.7	0.06069	1.8	0.73	457	9	487	10	628	39	<b>73</b>	76	31	0.40	5	2	S02
D66-seq1-a28	028	28686	396	38	0.18	8839	0.08433	1.6	0.68194	2.4	0.05865	1.8	0.68	522	8	528	10	554	38	<b>94</b>	68	41	0.60	7	1	S09
D66-seq1-a29	029	114647	1046	104	0.09	1635	0.08521	1.7	0.67921	2.1	0.05781	1.3	0.81	527	9	526	9	523	28	<b>101</b>	80	54	0.67	7	3	x
D66-seq1-a30	030	5036	99	9	0.38	8452	0.04401	3.9	0.45052	10.4	0.07425	9.7	0.37	278	11	378	33	1048	195	<b>26</b>	84	51	0.61	5	1	x
D66-seq1-a31	031	28948	434	77	0.45	671	0.04538	2.4	0.32554	5.0	0.05203	4.4	0.48	286	7	286	12	287	100	<b>100</b>	78	55	0.70	7	2	x
D66-seq1-a32	032	104423	1058	107	0.08	43805	0.08650	2.4	0.69296	2.9	0.05810	1.5	0.85	535	13	535	12	534	33	<b>100</b>	136	80	0.59	6	3	S25
D66-seq1-a33	033	78982	795	80	0.18	53092	0.08893	1.7	0.71371	2.0	0.05821	1.0	0.87	549	9	547	8	538	21	<b>102</b>	137	75	0.55	5	2	J5
D66-seq1-a34	034	345	5	0	0.88	644	0.07387	7.8	0.54654	33.8	0.05366	32.9	0.23	459	35	443	129	357	744	<b>129</b>	49	43	0.87	5	2	x
D66-seq1-a35	035	114413	1084	118	0.09	3251	0.09155	2.7	0.75740	3.4	0.06000	2.1	0.79	565	15	573	15	604	45	<b>94</b>	95	60	0.63	5	3	x
D66-seq1-a36	036	5507	100	14	0.47	2494	0.05540	10.4	0.59455	20.2	0.07783	17.3	0.51	348	35	474	80	1143	344	<b>30</b>	66	57	0.87	8	1	x
D66-seq1-a37	037	20197	173	17	0.24	3581	0.07885	10.8	0.64096	11.1	0.05895	2.6	0.97	489	51	503	45	565	57	<b>87</b>	76	40	0.52	7	2	S04
D66-seq1-a38	038	81310	837	83	0.08	22288	0.08724	1.9	0.70074	2.0	0.05826	0.8	0.91	539	10	539	9	539	18	<b>100</b>	102	50	0.49	5	2	S19
D66-seq1-a39	039	97431	990	98	0.12	12305	0.08654	2.0	0.69428	2.4	0.05818	1.2	0.87	535	10	535	10	537	26	<b>100</b>	91	64	0.70	6	2	S15
D66-seq1-a40	040	15705	344	70	0.57	5117	0.04596	2.0	0.34543	2.7	0.05451	1.7	0.76	290	6	301	7	392	39	<b>74</b>	88	79	0.89	7	2	x
D66-seq1-a41	041	7254	48	7	1.10	7577	0.11009	12.9	1.06856	22.5	0.07040	18.4	0.57	673	83	738	125	940	377	<b>72</b>	54	24	0.44	5	1	J3
D66-seq1-a42	042	82550	768	78	0.11	2392	0.08728	1.8	0.70366	2.0	0.05847	0.8	0.92	539	10	541	8	548	17	<b>99</b>	103	51	0.50	6	2	S04
D66-seq1-a43	043	88556	956	93	0.08	27556	0.08503	1.7	0.68580	2.0	0.05849	1.1	0.84	526	9	530	8	548	24	<b>96</b>	110	60	0.54	4	2	S20
D66-seq1-a44	044	51368	481	46	0.68	5765	0.08197	2.1	0.68000	3.1	0.06017	2.3	0.67	508	10	527	13	610	50	<b>83</b>	107	53	0.50	5	3	x
D66-seq1-a45	045	17343	166	7	0.68	919	0.02660	8.4	0.27258	9.4	0.07431	4.2	0.89	169	14	245	21	1050	85	<b>16</b>	82	52	0.63	4	1	S19
D66-seq1-a46	046	76249	849	86	0.09	119828	0.09269	1.7	0.75528	2.0	0.05910	1.0	0.87	571	9	571	9	571	21	<b>100</b>	84	53	0.63	6	2	S24
D66-seq1-a47	047	19805	256	26	0.15	17584	0.09270	3.7	0.89396	9.0	0.06994	8.2	0.42	571	20	648	44	927	168	<b>62</b>	69	44	0.64	6	1	S04
D66-seq1-a48	048	2009	39	5	7.14	3952	0.03966	5.2	0.28684	8.2	0.05246	6.3	0.63	251	13	256	19	306	144	<b>82</b>	72	64	0.89	5	1	S25
D66-seq1-a49	049	96409	1110	103	0.08	5397	0.07899	2.3	0.66953	2.6	0.06147	1.2	0.89	490	11	520	11	656	26	<b>75</b>	100	64	0.65	5	1	S09
D66-seq1-a50	050	2820	40	9	0.91	2169	0.04623	22.9	0.36324	39.5	0.05698	32.3	0.58	291	65	315	113	491	711	<b>59</b>	55	40	0.73	8	3	x
D66-seq1-a51	051	73534	829	85	0.09	8635	0.08896	1.9	0.72129	2.1	0.05880	0.9	0.91	549	10	551	9	560	19	<b>98</b>	89	47	0.53	6	2	S24
D66-seq1-a52	052	18193	282	46	0.66	567	0.03809	2.1	0.28803	8.6	0.05485	8.3	0.24	241	5	257	20	406	187	<b>59</b>	77	49	0.64	7	2	x
D66-seq1-a53	053	38880	415	43	0.52	11235	0.08945	1.9	0.72915	2.6	0.05912	1.7	0.74	552	10	556	11	572	37	<b>97</b>	66	31	0.46	6	2	S25
D66-seq1-a54	054	59202	688	68	0.24	103443	0.08685	1.8	0.69935	2.2	0.05840	1.2	0.84	537	10	538	9	545	26	<b>99</b>	86	47	0.55	6	1	S20
D66-seq1-a55	055	59798	680	71	0.28	103343	0.09262	2.0	0.75280	2.3	0.05895	1.2	0.84	571	11	570	10	565	27	<b>101</b>	110	63	0.58	5	2	S15
D66-seq1-a56	056	671	10	1	0.95	1239	0.06872	10.5	0.52790	12.1	0.05572	6.1	0.86	428	43	430	43	4								

D66-seq1-a60	060	2829	52	9	0.71	4416	0.06009	9.1	0.57988	21.0	0.06999	18.9	0.43	376	33	464	81	928	389	41	68	41	0.60	7	1	S24
D66-seq2-b01	061	61141	671	68	0.29	4046	0.08753	1.8	0.70743	2.3	0.05862	1.5	0.76	541	9	543	10	553	33	<b>98</b>	78	42	0.54	6	2	S18
D66-seq2-b02	062	708	6	1	1.17	1149	0.08451	4.9	0.60754	24.4	0.05214	23.9	0.20	523	24	482	98	291	547	179	75	51	0.67	7	2	S22
D66-seq2-b03	063	15292	404	70	0.54	3644	0.04318	1.5	0.32361	2.0	0.05435	1.4	0.73	273	4	285	5	386	32	71	81	62	0.77	6	1	x
D66-seq2-b04	064	58438	726	71	0.37	18057	0.08882	2.4	0.72357	2.6	0.05908	0.9	0.94	549	13	553	11	570	20	<b>96</b>	115	61	0.53	5	2	P5
D66-seq2-b05	065	51974	640	64	0.51	12649	0.08936	1.8	0.73626	2.2	0.05976	1.2	0.84	552	10	560	9	595	26	<b>93</b>	93	57	0.61	6	1	S09
D66-seq2-b06	066	4571	109	16	0.64	1802	0.03292	9.5	0.29076	17.4	0.06407	14.5	0.55	209	20	259	41	744	307	28	47	32	0.68	8	2	x
D66-seq2-b07	067	74955	898	95	0.09	5751	0.09257	1.6	0.74931	1.7	0.05871	0.8	0.90	571	9	568	8	556	17	<b>103</b>	133	65	0.49	5	3	x
D66-seq2-b08	068	252077	1524	153	0.10	152	0.07320	1.7	0.55021	3.3	0.05452	2.8	0.53	455	8	445	12	392	62	116	110	60	0.55	5	2	S14
D66-seq2-b09	069	37022	454	46	0.71	10832	0.09286	1.7	0.76071	2.1	0.05942	1.2	0.82	572	9	574	9	582	26	<b>98</b>	122	58	0.48	6	2	S19
D66-seq2-b10	070	84350	1020	109	0.09	9923	0.09227	1.6	0.75101	1.9	0.05903	1.0	0.84	569	9	569	8	568	23	<b>100</b>	95	45	0.48	5	1	P3
D66-seq2-b11	071	4482	82	16	0.80	6898	0.04716	14.1	0.51789	21.7	0.07964	16.5	0.65	297	41	424	78	1188	326	25	75	72	0.97	7	2	x
D66-seq2-b12	072	24082	320	32	0.72	12103	0.09003	1.6	0.73234	2.4	0.05900	1.8	0.66	556	8	558	10	567	40	<b>98</b>	69	48	0.69	5	2	S15
D66-seq2-b13	073	86030	1272	124	0.09	3675	0.08751	1.4	0.72822	2.3	0.06035	1.8	0.63	541	8	556	10	616	39	88	174	68	0.39	4	3	S15
D66-seq2-b14	074	57479	756	75	0.21	100116	0.08445	1.9	0.67997	2.1	0.05840	1.0	0.88	523	9	527	9	545	23	<b>96</b>	67	45	0.68	8	2	x
D66-seq2-b15	075	22573	253	25	0.40	5103	0.08569	2.7	0.76003	3.7	0.06433	2.5	0.73	530	14	574	16	752	53	70	62	36	0.58	6	2	S04
D66-seq2-b16	076	48419	645	63	0.47	17402	0.08804	1.6	0.71720	2.1	0.05908	1.3	0.78	544	9	549	9	570	29	<b>95</b>	77	61	0.79	4	2	S14
D66-seq2-b17	077	70610	854	88	0.15	7707	0.08836	1.7	0.72034	2.0	0.05913	1.0	0.85	546	9	551	8	572	23	<b>95</b>	71	51	0.72	5	1	J3
D66-seq2-b18	078	63280	810	78	0.19	9391	0.08510	1.6	0.67993	1.9	0.05795	1.1	0.83	526	8	527	8	528	24	<b>100</b>	126	72	0.57	6	2	S19
D66-seq2-b19	079	84706	1156	111	0.14	21571	0.08374	1.8	0.67662	2.2	0.05860	1.3	0.81	518	9	525	9	552	29	<b>94</b>	87	55	0.63	5	2	S18
D66-seq2-b20	080	2105	24	5	1.47	3060	0.07424	9.7	0.73011	14.7	0.07133	11.1	0.66	462	44	557	65	967	226	48	74	68	0.92	9	1	x
D66-seq2-b21	081	13238	84	10	1.39	20223	0.09274	7.7	0.76530	23.4	0.05985	22.1	0.33	572	42	577	108	598	478	<b>96</b>	64	29	0.45	7	2	S04
D66-seq2-b22	082	61370	794	82	0.21	106099	0.09052	1.5	0.73355	1.9	0.05877	1.3	0.76	559	8	559	8	559	28	<b>100</b>	96	82	0.85	5	2	S17
D66-seq2-b23	083	84514	1661	123	0.08	18150	0.06488	2.2	0.49315	2.4	0.05513	0.9	0.92	405	9	407	8	417	20	<b>97</b>	145	69	0.47	5	2	P4
D66-seq2-b24	084	55896	724	72	0.31	38407	0.08734	2.0	0.70406	2.4	0.05847	1.3	0.84	540	11	541	10	547	28	<b>99</b>	86	47	0.55	7	2	S23
D66-seq2-b25	085	50595	659	62	0.60	23589	0.08547	1.8	0.68345	2.0	0.05799	1.0	0.88	529	9	529	8	530	21	<b>100</b>	78	55	0.70	7	2	S08
D66-seq2-b26	086	31415	418	40	0.55	28461	0.08407	1.7	0.68069	2.2	0.05872	1.3	0.80	520	9	527	9	557	28	<b>93</b>	81	45	0.55	6	2	S10
D66-seq2-b27	087	641	10	1	1.07	664	0.04734	16.8	0.36522	30.7	0.05595	25.6	0.55	298	49	316	87	450	570	66	49	34	0.68	8	1	x
D66-seq2-b28	088	100479	1351	135	0.08	112989	0.08676	2.1	0.69597	2.3	0.05818	0.9	0.91	536	11	536	10	537	21	<b>100</b>	172	101	0.59	5	2	P4
D66-seq2-b29	089	89842	1596	113	0.08	691	0.06415	1.9	0.47029	2.6	0.05317	1.8	0.72	401	7	391	8	336	41	119	180	85	0.48	5	2	S25
D66-seq2-b30	090	75473	745	80	0.12	937	0.08898	1.9	0.71960	2.2	0.05866	1.0	0.88	549	10	550	9	554	23	<b>99</b>	111	66	0.60	5	2	S25
D66-seq2-b31	091	89378	1075	82	0.11	699	0.06026	2.2	0.47481	2.9	0.05714	1.8	0.78	377	8	395	9	497	39	76	165	98	0.59	5	1	P3
D66-seq2-b32	092	1426	17	2	1.35	619	0.08712	11.1	0.84416	15.5	0.07028	10.8	0.72	538	58	621	75	936	221	58	74	36	0.49	7	2	x
D66-seq2-b33	093	42690	527	40	0.52	787	0.06765	1.9	0.52802	3.2	0.05661	2.6	0.59	422	8	430	11	476	57	89	97	39	0.41	6	2	S23
D66-seq2-b34	094	42072	577	46	0.60	1382	0.07514	2.0	0.59322	2.4	0.05726	1.3	0.83	467	9	473	9	501	29	<b>93</b>	74	59	0.80	8	1	x
D66-seq2-b35	095	60966	832	84	0.18	47422	0.08690	1.7	0.69550	1.9	0.05805	0.8	0.90	537	9	536	8	532	18	<b>101</b>	112	61	0.55	5	2	S09
D66-seq2-b36	096	36914	509	47	0.66	51969	0.08338	1.6	0.68768	1.9	0.05981	0.9	0.87	516	8	531	8	597	20	86	68	41	0.60	7	1	S25
D66-seq2-b37	097	71796	994	94	0.11	6013	0.08135	1.8	0.65096	2.0	0.05804	0.8	0.92	504	9	509	8	531	17	<b>95</b>	84	45	0.54	8	2	x
D66-seq2-b38	098	998	16	1	0.68	1427	0.07361	4.6	0.57193	6.8	0.05635	5.0	0.68	458	21	459	26	466	111	<b>98</b>	75	39	0.52	7	3	x
D66-seq2-b39	099	135604	1819	149	0.12	774	0.06660	1.7	0.50688	2.1	0.05520	1.4	0.78	416	7	416	7	420	30	<b>99</b>	76	54	0.72	6	2	S25
D66-seq2-b40	100	110083	1290	114	0.10	903	0.07452	2.5	0.58286	2.9	0.05673	1.5	0.85	463	11	466	11	481	34	<b>96</b>	77	61	0.79	6	3	x
D66-seq2-b41	101	48114	747	64	0.23	1939	0.07786	2.6	0.61005	3.0	0.05682	1.3	0.90	483	12	484	11	485	29	<b>100</b>	71	40	0.56	7	3	x
D66-seq2-b42	102	1056	19	1	1.37	902	0.05162	9.9	0.47725	17.1	0.06706	13.9	0.58	324	31	396	58	840	289	39	65	61	0.93	8	2	x
D66-seq2-b43	103	1127	16	1	1.60	1876	0.06170	13.9	0.50110	18.2	0.05891	11.7	0.77	386	52	412	64	564	255	68	38	29	0.75	7	2	x
D66-seq2-b44	104	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	46	37	0.80	7	1	S17
D66-seq2-b45	105	32428	450	42	0.86	3520	0.08347	1.6	0.68395	2.3	0.05943	1.6	0.70	517	8	529	10	583	36	89	47	41	0.88	6	2	S13
D66-seq2-b46	106	60351	804	83	0.22	25032	0.08970	1.8	0.72622	1.9	0.05872	0.8	0.91	554	9	554	8	557	18	<b>99</b>	104	54	0.52	5	3	S15
D66-seq2-b47	107	30183	405	40	0.79	10652	0.08787	1.6	0.73197	2.1	0.06042	1.3	0.78	543	8	558	9	619	28	88	54	47	0.86	7	1	S20
D66-seq2-b48	108	56077	821	77	0.24	12002	0.08183	1.9	0.66170	2.1	0.05865	0.9	0.91	507	9	516	9	554	19	<b>92</b>	102	51	0.50	7	1	S15
D66-seq2-b49	109	682	11	1	3.44	998	0.05859	16.1	0.56262	20.4	0.06965	12.5	0.79	367	58	453	77	918	257	40	66	45	0.68	7	1	x
D66-seq2-b50	110	13791	406	42	0.42	5738	0.04499	2.0	0.32255	2.7	0.05199	1.8	0.74	284	6	284	7	285	42	<b>99</b>	108	81	0.75	7	2	x
D66-seq2-b51	111	1054	7	1	4.41	167	0.01191	154.4	0.17461	158.7	0.10635	36.9	0.97	76	118	163	273	1738	677	4	61	45	0.74	7	2	S19
D66-seq2-b52	112	62074	854	89	0.14	3146	0.09119	1.6	0.71692	2.2	0.05702	1.4	0.75	563	9	549	9	492	32	114	80	46	0.57	6	2	S15
D66-seq2-b53	113	223																								

D66b-seq1-a01	001	70121	534	55	0.34	7423	0.09586	1.8	0.79942	2.3	0.06048	1.4	0.77	590	10	597	10	621	31	<b>95</b>	112	70	0.63	6	2	S04
D66b-seq1-a02	002	32600	283	28	0.49	3095	0.09567	2.1	0.83638	3.0	0.06341	2.1	0.71	589	12	617	14	722	45	82	89	63	0.71	6	2	S15
D66b-seq1-a03	003	126108	1072	106	0.06	132696	0.09135	1.8	0.71664	2.1	0.05690	1.0	0.88	563	10	549	9	488	22	116	155	83	0.53	5	2	S10
D66b-seq1-a04	003A	4208	26	2	0.75	2033	0.05219	21.9	0.55215	31.1	0.07673	22.1	0.70	328	70	446	119	1114	442	29	66	40	0.62	9	2	x
-	004	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	92	48	0.52	7	2	S14
-	005	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	96	45	0.47	6	2	S04
-	006	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	103	62	0.60	6	2	S14
-	007	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	85	48	0.57	6	2	S15
-	008	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	94	54	0.57	7	2	S09
D66b-seq1-a05	009	76833	672	70	0.30	2104	0.09563	1.6	0.79840	2.2	0.06055	1.5	0.74	589	9	596	10	623	32	<b>94</b>	146	91	0.63	5	1	S20
-	010	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	106	52	0.49	7	2	S24
-	011	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	92	52	0.56	8	2	x
-	012	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	83	61	0.74	6	2	P2
-	013	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	74	49	0.66	7	2	S04
-	014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	58	41	0.72	8	1	x
-	015	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	80	41	0.51	7	2	S03
D66b-seq1-a06	016	54831	526	55	0.44	10471	0.09979	1.8	0.82615	2.3	0.06005	1.4	0.79	613	11	611	11	605	30	<b>101</b>	99	62	0.63	5	1	S14
-	017	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	76	40	0.52	6	2	S12
-	018	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	65	34	0.51	7	1	L5
-	019	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	57	37	0.65	6	1	J3
-	020	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	62	48	0.78	6	1	J4
-	021	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	105	49	0.47	10	3	x
-	022	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	78	42	0.54	7	2	S05
D66b-seq1-a07	023	91157	808	76	0.09	18109	0.08491	2.3	0.67941	2.4	0.05803	0.7	0.95	525	12	526	10	531	16	<b>99</b>	101	56	0.55	5	2	S19
D66b-seq1-a08	023A	54788	1075	70	0.14	2798	0.03711	2.3	0.26723	3.3	0.05223	2.3	0.70	235	5	240	7	295	53	80	144	91	0.64	8	2	x
D66b-seq1-a09	024	82684	844	86	0.09	14231	0.09305	1.6	0.75545	1.8	0.05888	0.8	0.89	574	9	571	8	563	17	<b>102</b>	79	61	0.77	7	2	x
D66b-seq1-a10	025	91662	568	65	0.11	5582	0.09782	3.8	0.81873	4.3	0.06070	1.9	0.89	602	22	607	20	629	42	<b>96</b>	78	51	0.65	6	2	S09
D66b-seq1-a11	026	1004	11	1	1.85	903	0.08786	13.5	0.91349	62.9	0.07541	61.5	0.21	543	71	659	363	1079	1233	50	75	63	0.84	7	2	x
-	027	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	88	48	0.54	8	2	x
D66b-seq1-a12	028	88058	793	87	0.10	7131	0.09940	2.1	0.82716	3.2	0.06036	2.5	0.65	611	12	612	15	616	53	<b>99</b>	126	60	0.48	6	1	S10
-	029	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	91	44	0.49	7	2	S10
D66b-seq1-a13	030	80350	814	89	0.15	26267	0.10221	1.8	0.82972	2.5	0.05888	1.8	0.71	627	11	613	12	563	38	112	80	57	0.71	6	2	S15
-	031	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	76	49	0.64	7	2	S14
-	032	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	91	55	0.60	8	2	x
D66b-seq1-a14	033	836	11	1	1.64	680	0.06071	21.0	0.93612	33.4	0.11184	26.0	0.63	380	78	671	179	1830	472	21	72	35	0.48	6	2	S05
-	034	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	80	46	0.58	6	2	S15
-	035	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	78	48	0.62	6	2	S05
D66b-seq1-a15	036	57553	676	70	0.19	20851	0.09712	1.7	0.80205	2.6	0.05989	1.9	0.66	598	10	598	12	600	42	<b>100</b>	98	74	0.75	6	2	x
D66b-seq1-a16	037	1629	5	1	0.71	168	0.06901	41.6	1.60978	64.5	0.16919	49.4	0.64	430	175	974	516	2550	827	17	116	45	0.38	6	2	S04
-	038	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	67	43	0.64	7	1	x
D66b-seq1-a17	039	46331	535	49	0.19	6046	0.08335	6.2	0.66462	6.6	0.05783	2.1	0.95	516	31	517	27	524	47	<b>99</b>	70	44	0.63	5	1	S05
D66b-seq1-a18	039A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	040	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	87	54	0.63	4	2	x
D66b-seq1-a19	041	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	88	49	0.55	8	2	x
-	042	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	77	49	0.64	5	1	P3
D66b-seq1-a20	043	80342	838	76	0.14	30024	0.08348	2.1	0.67185	2.3	0.05837	1.0	0.90	517	10	522	10	544	22	<b>95</b>	132	68	0.52	6	2	S10
D66b-seq1-a21	043A	1658	8	1	1.05	1137	0.09080	9.1	1.40645	41.5	0.11235	40.5	0.22	560	49	892	282	1838	734	30	79	44	0.55	6	2	S20
D66b-seq1-a22	043B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	65	56	0.86	9	1	x
-	044	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	63	39	0.62	7	2	x
-	045	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	108	51	0.47	7	2	S04
-	046	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	83	46	0.55	8	1	x
-	047	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	106	47	0.44	7	3	S19
-	048	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	83	49	0.59	6	2	S20
-	049	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	93	41	0.44	7	2	S10
D66b-seq1-a23	049A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	78	58	0.75	8	2	x
D66b-seq1-a24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	58	31	0.53	6	1	J4

-	051	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	78	38	0.49	7	2	S19
-	052	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	74	48	0.65	6	1	S15
D66b-seq1-a25	053	9405	44	12	2.32	9645	0.03593	31.1	0.99576	37.9	0.20100	21.6	0.82	228	70	702	213	2834	352	8	58	39	0.67	7	2	x
-	054	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	79	41	0.52	8	2	x
-	055	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	50	31	0.62	8	1	x
-	056	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	75	35	0.47	8	1	x
-	057	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	89	50	0.56	6	2	S09
-	058	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	115	57	0.49	6	2	S09
D66b-seq1-a26	058A	11398	426	21	0.26	1540	0.03193	22.5	0.29812	24.8	0.06772	10.5	0.91	203	45	265	60	860	218	24	103	55	0.53	4	1	S23
-	059	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	81	33	0.41	7	3	x
-	060	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	78	43	0.55	6	1	S20
-	061	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	64	23	0.35	7	1	x
-	062	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	62	43	0.69	8	2	x
-	063	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	82	54	0.65	8	2	x
D66b-seq1-a27	064	80965	1101	106	0.09	9267	0.08397	2.1	0.67396	2.5	0.05821	1.4	0.83	520	10	523	10	538	30	97	126	79	0.63	6	2	S05
-	065	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	63	35	0.56	8	1	x
D66b-seq1-a28	066	87777	1036	106	0.15	154702	0.09606	1.7	0.76795	1.9	0.05798	1.0	0.86	591	10	579	9	529	21	112	139	72	0.52	6	2	S15
-	067	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	44	29	0.66	7	2	S13
-	068	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	83	44	0.53	7	2	S15
D66b-seq1-a29	068A	8729	275	30	0.55	9176	0.04599	2.0	0.34279	3.3	0.05406	2.6	0.62	290	6	299	9	374	59	78	107	76	0.71	6	2	S19
-	069	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	96	61	0.64	7	2	S25
-	070	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	58	53	0.93	9	1	x
-	071	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	80	54	0.68	7	2	S20
D66b-seq1-a30	072	8535	166	12	0.22	666	0.07178	16.6	0.97469	18.9	0.09848	9.1	0.88	447	72	691	100	1596	170	28	87	72	0.83	10	3	x
-	073	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	67	42	0.63	6	1	S25
-	074	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	92	58	0.63	6	2	S09
D66b-seq1-a31	075	53250	729	75	0.24	90665	0.09662	2.1	0.79768	2.6	0.05988	1.4	0.84	595	12	596	12	599	30	99	112	70	0.63	5	2	S20
-	076	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	93	58	0.62	8	3	x
-	077	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	70	43	0.62	7	1	x
-	078	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	64	43	0.67	8	2	x
-	079	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	70	41	0.59	7	1	S15
-	080	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	47	0.47	6	1	S25
D66b-seq1-a32	081	60983	796	80	0.14	6725	0.08933	3.0	0.72387	3.4	0.05877	1.5	0.89	552	16	553	15	559	33	99	99	61	0.62	5	2	S20
-	082	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69	44	0.63	7	2	x
D66b-seq1-a33	083	47304	666	65	0.43	11015	0.08927	2.4	0.72167	2.7	0.05863	1.3	0.87	551	12	552	12	554	29	100	118	54	0.46	6	2	P4
-	084	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	82	46	0.57	6	3	x
D66b-seq1-a34	085	64246	834	83	0.24	32099	0.08920	2.4	0.72747	2.8	0.05915	1.3	0.88	551	13	555	12	573	29	96	110	60	0.55	6	2	S10
D66b-seq1-a35	086	17359	271	18	0.34	7803	0.06002	9.3	0.54300	27.9	0.06562	26.3	0.33	376	34	440	105	794	551	47	101	55	0.54	7	2	x
-	087	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	104	47	0.45	6	2	S05
D66b-seq1-a36	088	41774	642	49	0.39	71643	0.07010	4.7	0.57159	5.5	0.05914	2.9	0.85	437	20	459	20	572	63	76	105	71	0.67	7	2	x
-	089	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	101	57	0.56	7	2	x
-	090	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	76	61	0.80	8	2	x
D66b-seq1-a37	091	27311	409	46	0.57	2553	0.10692	1.7	0.99639	4.8	0.06759	4.5	0.35	655	11	702	25	856	94	76	80	50	0.62	6	2	S25
-	092	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	85	37	0.43	6	1	x
D66b-seq1-a38	093	51087	673	63	0.51	12417	0.08638	2.0	0.69301	2.5	0.05819	1.6	0.78	534	10	535	11	537	35	99	141	74	0.52	6	2	P4
-	094	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	63	27	0.42	7	1	x
-	095	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	59	0.59	10	2	x
-	096	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	77	39	0.50	7	1	S04
-	097	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	57	44	0.77	8	2	x
-	098	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	89	49	0.55	7	2	S15
-	099	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	87	53	0.62	7	2	S14
-	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	82	46	0.57	6	1	S13/S15
D66b-seq1-a39	101	54754	573	68	0.18	5071	0.09852	5.1	0.82940	7.0	0.06106	4.7	0.74	606	30	613	33	641	101	94	72	47	0.66	6	2	x
-	102	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69	41	0.60	4	1	S13
D66b-seq1-a40	103	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	55	49	0.90	7	3	x
-	104	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	58	26	0.45	6	1	x







D67-seq2-b52	111A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	71	55	0.77	10	2	x
D67-seq2-b53	112	30631	280	30	0.76	809	0.08415	1.8	0.67345	3.6	0.05804	3.1	0.51	521	9	523	15	531	68	<b>98</b>	97	57	0.59	3	2	S24
D67-seq2-b54	113	24157	129	18	0.92	225	0.10739	2.0	1.81767	4.1	0.12276	3.6	0.48	658	12	1052	27	1997	65	33	71	34	0.48	4	1	S24
D67-seq2-b55	114	13857	163	18	0.61	7385	0.09462	1.8	0.78481	4.1	0.06016	3.7	0.45	583	10	588	18	609	79	<b>96</b>	132	57	0.43	4	1	J4
D67-seq2-b56	115	18532	187	21	0.75	1956	0.09591	1.6	0.79631	4.3	0.06022	4.0	0.36	590	9	595	20	611	87	<b>97</b>	108	64	0.59	2	1	J5
D67-seq2-b57	116	11212	122	14	0.76	2652	0.09527	1.7	0.88710	3.4	0.06754	2.9	0.50	587	10	645	16	854	61	69	105	36	0.34	4	2	S23/S24
D67-seq2-b58	117	19356	141	16	0.80	379	0.08849	2.2	1.16262	5.4	0.09529	4.9	0.41	547	12	783	30	1534	92	36	54	31	0.58	6	1	x
D67-seq2-b59	118	20637	167	20	0.72	544	0.10023	1.8	0.83873	4.2	0.06069	3.8	0.43	616	11	618	20	628	82	<b>98</b>	69	40	0.58	5	1	J5
D67-seq2-b60	119	18328	96	9	0.76	217	0.06765	2.5	1.20955	7.4	0.12967	7.0	0.33	422	10	805	42	2093	123	20	95	38	0.39	4	2	S24
D67-seq3-c01	120	81257	97	25	0.58	50	0.11158	2.9	5.84542	8.8	0.37995	8.3	0.32	682	19	1953	80	3832	126	18	101	52	0.52	2	1	J3
D67-seq3-c02	121	7708	87	9	0.44	12405	0.09260	1.7	0.79823	2.5	0.06252	1.9	0.66	571	9	596	12	692	41	82	111	53	0.48	8	2	x
D67-seq3-c03	122	9170	103	10	0.41	2779	0.08851	2.4	0.76145	5.7	0.06239	5.2	0.42	547	13	575	25	688	111	80	138	77	0.55	3	2	J3
D67-seq3-c04	123	7782	64	7	0.64	318	0.08979	2.4	1.14522	5.5	0.09250	4.9	0.43	554	13	775	30	1478	94	38	108	60	0.55	2	1	S24
D67-seq3-c05	124	12408	142	15	0.71	21010	0.09173	1.9	0.75265	2.3	0.05951	1.4	0.80	566	10	570	10	586	30	<b>97</b>	112	58	0.51	3	2	S24
D67-seq3-c06	125	9881	112	12	0.67	8454	0.09337	1.7	0.77182	2.4	0.05995	1.6	0.72	575	10	581	11	602	36	<b>96</b>	124	56	0.45	1	1	S23
D67-seq3-c07	126	38536	229	30	0.63	239	0.08883	2.2	0.71579	7.1	0.05844	6.8	0.31	549	12	548	31	546	148	<b>100</b>	88	45	0.51	3	1	S25
D67-seq3-c08	127	8827	100	10	0.79	1480	0.08867	1.7	0.77633	2.8	0.06350	2.2	0.61	548	9	583	12	725	47	76	99	61	0.62	3	1	S24
D67-seq3-c09	128	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	64	36	0.56	4	1	S25
D67-seq3-c10	129	15369	83	10	0.74	265	0.09081	4.3	1.57042	16.9	0.12542	16.3	0.26	560	23	959	111	2035	289	28	73	46	0.63	5	2	S24
D67-seq3-c11	130	18483	177	18	0.61	588	0.09259	1.9	0.75613	3.7	0.05923	3.2	0.51	571	10	572	17	576	70	<b>99</b>	79	43	0.55	4	2	J4
D67-seq3-c12	131	45630	95	17	0.52	64	0.10112	2.3	4.09530	5.0	0.29372	4.4	0.46	621	14	1653	42	3437	69	18	109	64	0.59	3	2	S24
D67-seq3-c13	132	155446	297	96	0.90	2480	0.26270	3.3	4.58496	3.4	0.12658	0.9	0.96	1504	44	1747	29	2051	16	73	112	60	0.54	6	1	x
D67-seq3-c14	133	53500	625	65	0.27	4147	0.08656	2.0	0.70004	2.2	0.05865	1.0	0.89	535	10	539	9	554	22	<b>97</b>	117	51	0.43	5	2	S23
D67-seq3-c15	134	32977	390	37	0.33	2751	0.09938	1.9	0.83869	2.2	0.06121	1.0	0.88	611	11	618	10	647	22	<b>94</b>	77	44	0.57	7	1	x
D67-seq3-c16	135	8305	88	9	0.41	1249	0.08895	2.0	0.89424	3.4	0.07291	2.8	0.58	549	10	649	17	1012	57	54	126	61	0.48	4	2	S23
D67-seq3-c17	136	97268	164	57	0.60	4721	0.30707	1.8	5.44267	2.0	0.12855	0.9	0.88	1726	27	1892	17	2078	17	83	76	71	0.93	7	1	x
D67-seq3-c18	137	45738	127	21	1.01	87	0.09736	2.3	2.96902	10.3	0.22118	10.0	0.22	599	13	1400	81	2989	161	20	88	35	0.40	4	2	S25/S23

<sup>a</sup> within-run background-corrected mean <sup>207</sup>Pb signal in counts per second

<sup>b</sup> U and Pb content and Th/U ratio were calculated relative to GJ-1 and are accurate to approximately 10%.

<sup>c</sup> corrected for background, mass bias, laser induced U-Pb fractionation and common Pb (if detectable, see analytical method) using Stacey & Kramers (1975) model Pb composition. <sup>207</sup>Pb/<sup>235</sup>U calculated using <sup>207</sup>Pb/<sup>206</sup>Pb/(<sup>238</sup>U/<sup>206</sup>Pb × 1/137.88). Errors are propagated by quadratic addition of within-run errors (2SE) and the reproducibility of GJ-1 (2SD).

<sup>d</sup> Rho is the error correlation defined as  $\text{err}^{206}\text{Pb}/^{238}\text{U} / \text{err}^{207}\text{Pb}/^{235}\text{U}$ .

c = core, r = rim, m = middle

concordance =  $(\text{AGE}^{206}\text{Pb}/^{238}\text{U}) / (\text{AGE}^{207}\text{Pb}/^{206}\text{Pb}) \times 100$ .