

1010.186	GGTGCCTCCGTATCCTTAAGTCCATC.....GACTATCCCTTGACTACGTC AATGCAGATCTGAAGCGGT TTGGTGCCTCCGTATCCTTAAGATCCA.....TTGACTATCCCTTGACTACGTC AATGCAGATCTGAAGCGGT TTGGTGCCTCCGTATCCTTAAGATCCA.....CTTCCTTGACTACGTC AATGCAGATCTGAAGCGGT	Hsap NM_004205 i10 Hsap NM_004205 i10_fixed Rnor NM_053774 i09	01 1 0 OK? 11 1 0 OK 11 1 0 OK
1010.187	CAAGGAGTATTGTATCCTTTAGAAGA.....GACACTGGTCCCTTAGCAACTCTCCACAGCGGGAAACC CAAGGAGTATTGTATCCTTTAGAAGA.....TGGTGATTCCTTAGCAACTCTCCACAGCGGGAAACC	Hsap NM_000190 i08 Rnor NM_013168 i08	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1010.189	AATTTGTCRAAGTATCCTTATGTTC A.....TTTTCCTTAAATAGTTACAGTTTAACTAA AATTTGTCRAAGTATCCTTATGTTC A.....GCTTTTGGATTCCTTAAATAGTTTACCAGTTTAACTAA	Hsap NM_000933 i21 Rnor NM_024353 i22	11 1 1 OK 01 1 1 OK
1010.191	CATGCTAGATGTATCCTTAAATTCG.....CACTCAGAGCCTTCCTTGACTGAAAGCAGTCGACGGGA CATGCTAGATGTATCCTTAAATTCG.....TACTCAGAGCCTTCCTTAACTGAAAGCAGTAAATGGGA	Hsap NM_001748 i16 Rnor NM_017116 i16	11 1 0 OK 11 1 1 OK
1010.192	TAGTACACTCATATCCTTTAAAAAT.....CTCTCTTTTGTTCCTTGAATCTAAGCTACCTTATTCAGC TAGTACACTCATATCCTTTAAAAAT.....GCTGTCCTTGTTCCTTGAATCTAAGCTACCTTATTCAGC	Hsap NM_002977 i02 Rnor NM_133289 i02	11 2 1 OK 11 1 0 OK
1010.194	CCTCAATGGATGTATCCTTCCGTTTCG.....GATGAAATTCCTTAACTGCACTCCAGCTGATTCGCA CCTCAATGGATGTATCCTTCCGTTTCG.....AGCTTAGTTCCTTAACTGCACTCCAGCTGATTCGCA	Hsap NM_005186 i17 Rnor NM_019152 i17	11 2 1 OK 11 2 0 OK
1010.196	CAACCCCTATGTATCCTTCTCAGCAG.....ACGTTGCCAGTTTCCTCAGCAGGACAGATATTTAATC CAACCCCTATGTATCCTTCTCAGCAG.....GAAACACAGTTTCCTTAACTAATAAAGATATTTAATC	Hsap NM_006247 i06 Rnor NM_031729 i06	11 1 2 OK 11 3 0 OK
1010.197	AGAGTTTTACGTATCCTTTCGATTT.....ATGCAAACTTTCCTTAACTCGTTGTACAGTTTCAGGCATC AGAGTTTTACGTATCCTTTCGATTT.....CATGCAAACTTTCCTTAACTCTTCTTAAGTTTCAGGCATC	Hsap NM_020401 i02 Rnor NM_053830 i02	11 1 1 OK 11 3 1 OK
1010.199	GGCCACAGGAATATCCTTTCCTTGG.....ATAATGCTTCCCTTAACTCAAAATTCAGTATTCGCAT GGCCACAGGAATATCCTTTCCTTGG.....TATGTTTATACCTTAACTCAAAATTCAGTATTCGCAT	Hsap NM_024923 i07 Rnor NM_053322 i07	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1011.188	ACAAGATCTGTATCCTTTGCCCTGCT.....AAATGAAATGACCTTAACTCTGGGTTCTAGCTCACTTTTCT ACAAGATCTGTATCCTTTGCCCTGCT.....CAATGAAATGACCTTAACTCTGGGTTCTAGCTCACTTTTCT	Hsap NM_000379 i03 Rnor NM_017154 i03	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1011.190	TTTGGAAACGTATCCTTTGTTTCAC.....GAAATGTGATTCCTTGAATGGAATAATAGATGTGTCGTC CTTGGAAACGTATCCTTTGTTTCAC.....GAAATGTGATTCCTTGAATGGAATAATAGATGTGTCGTC	Hsap NM_000968 i03 Rnor NM_022510 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1011.193	AGTTTGTGGAATATCCTTTCAGCTTTC.....CTTTCCTAGCTTCCTTAACTCAAGGACAGCTAACAAG AGTTTGTGGAATATCCTTTCAGCTTTC.....GCTTTCCTAGCTTCCTTAACTCAACAAGCTAACAAG	Hsap NM_004573 i17 Rnor NM_053478 i17	11 2 1 OK 11 2 2 OK
1011.195	TGCCCTCAGTGTATCCTTTCGGCCCT.....GAATTCAGTTTTCCTTGAATGATGATTAGATGGAGCTGC TGCCCTCAGTGTATCCTTTCGGCCCT.....GAATTCAGTTTTCCTTGAATGATGATTAGATGGAGCTGC	Hsap NM_006141 i06 Rnor NM_031026 i06	11 1 2 OK 11 1 1 OK
1011.198	TGGTACATTCATATCCTTTTCAAAAT.....TGAACCTTTCCTTGAATGATGATTAGATGGAGCTGC TGGTACATTCATATCCTTTTCAAAAT.....ACTTTGTTTCCTTGAATGATGATTAGATGGAGCTGC	Hsap NM_021007 i03 Rnor NM_012647 i03	11 1 0 OK 11 1 0 OK