

1100.033	TA CAAAGACT GTATCCTAGACC TT.....GATC T T C T C T C A G T C C T T C C A C C C C C A G T C C G C G G G A TA TAAAGACT GTATCCTTGA C C C G T.....TG T C C T T A A G T A T C T T T C C A C T G C T A G T C G C G C G G G A	Hsap NM_004722 i01 Mmus NM_021392 i01	00 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.034	TGACCTCACTGTATCTTTCTAAAC TT.....GGGGCTTTTCCTTAACCTTGTCTATCAGGTTCCCTTTTC TGACCTTACTGTATCCTTCTAAACA.....GGCTTCTTTCCTTAACACTGTGTATCAGGTTCCCTTTTC	Hsap NM_002109 i04 Mmus NM_008214 i04	01 2 0 OK 11 1 1 OK
1100.035	ACCAGGAAACATATCCCTTC CAGAG.....ACCTGCACCCTCCTCTTAACCTCTGAGTCCACCTGGAAGCTGT ACCAGGAAACATATCCTTTC CAGGC.....CGCTGCACCCTCCCTTAACTCATGTCTACCTGGAAGCTGT	Hsap NM_002379 i07 Mmus NM_010769 i07	01 2 0 OK 11 3 1 OK
1100.037	AGTTTGGAGA GTATCCTAGAGTAA TC.....TGTTAAGATTTTCCTTAATCTCCACTCAGTCTCTCAGAT AGTTTGGAGA GTATCCTCAGCGGTG.....CCGGAAGCTTTTCCTTGAGCTAGGCTCTAGTCTCTCAGAT	Hsap NM_014230 i01 Mmus NM_146032 i01	01 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.038	TGCGGGCATATCCTTACCTTC TAG.....AAGAAAGTTAAGCCTTAATTA TTTCACTATAGAGTTTA ACTCGGGGATATCCTTACCTTCTTT.....CTAAGAAAGATATAGCCTTAATTA TTTCACTATAGAGTTTA ACTGAAGGGCATATCCTTACCTTATG.....CTAGAAAGACCACGCCTTAACTCTCTGACATATAGAGATT	Hsap NM_014563 i03 Hsap NM_014563 i03 Mmus NM_025432 i03	01 1 2 OK? 11 1 2 OK 11 2 1 OK
1100.039	TATGAACITTTGTATCTTTTGAAAGTT.....TTATTTCTTTCCTTAATCATAAATTAAGATATGGCCAT TATGAACITTTGTATCCTTTCAGTCT.....TTATTTCTTTCCTTAATCATAAATTAAGATATGGCCAT	Hsap NM_018206 i03 Mmus NM_022997 i03	01 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.040	TCCTTGAGACATATCCTTC TCGAGTC.....CAGCTGTGGGCTTCCTTAACAGCCACTCACCTACAAGGAC TCCTTGAGACATATCCTTTC TCGAGTC.....CAGCCCAAAGCTTCCTTAACAGCCACTCACCTACAAGGAC	Hsap NM_031294 i08 Mmus NM_029044 i08	01 3 0 OK 11 3 0 OK
1100.041	TTTGCCTTATATCCTTTATCACAGT.....TTGTTCTCTTCCTTAACCTTGGCTTACATTAATATCTT TATTTCAATATATCCTTATCACAA.....AAATTAATTAATTTCTTTAAGACTGTGCTACGTGAATACTCCT	Hsap NM_032494 i06 Mmus NM_020594 i06	01 2 0 OK 11 1 1 OK
1100.042	TGAAACTCTGTATCCTTACTTAGG.....TCCTGGTTTAGAATTCCTATAACATGTGGATTCATC TGAAACTCTGTATCCTTCAGAAAGT.....TCCCAAATGTTGGAGTTTTCCTTAACATACAGATTCCTTC	Hsap NM_013326 i11 Mmus NM_029623 i11	10 0 0 OK 11 2 2 OK
1100.043	CCTACTCCTATGTATCCTTCACCTGAG.....CTGGCTTCTTCCTTAACACAGTGGTTTCACTTGGGGGC CCTACTCTATGTATCCTTTCACCTGG.....CTAGCATGTCTTCCTTAACCTCACCGCAGCTCTGAGGTT	Hsap NM_000101 i02 Mmus NM_007806 i02	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.045	AAATTAGAGATATCCTTCTTTCIT.....AAAAATTTTATAAGCTCTTAACCTCATCATATTTTGTGAG GAATTAGAGATATCCTTCTTTCIT.....AAAACTTCTATAAAGCTTAACTGGCAGACATTTTGTGAG	Hsap NM_000123 i13 Mmus NM_011729 i13	11 1 2 OK 11 1 1 OK
1100.046	GGCATGTAAGGTATCCTTTACTTC.....ATGCTGGACCTTAACCTCTTTTTCAGCTAATTTGGG GGCATGTAAGGTATCCTTTC TCGAGCC.....TGTTCCCTTAACCTGTCGCTTTTTCAGCTAATTTGGG	Hsap NM_000436 i09 Mmus NM_024188 i09	11 2 1 OK 11 1 1 OK
1100.047	GGCAGTCCAACTATCCTTGTACTAGAG.....TGTGTTGGCTCTTCCTTAACCTTGCATCAGATATTGCTAC GGCAGTCCAACTATCCTTGTACTAGAG.....TAAATTTGGCTCTTCCTTAACCTTGCATCAGATATTGCTAC	Hsap NM_000449 i07 Mmus NM_017395 i05	11 2 1 OK 11 1 0 OK
1100.048	AGCAGAAAATATATCCTTCCGGTGT.....CCCTGAGCTGTGTTTCCTTAGCGCCCTACGTATATGGTG AGCAGAAAGATATATCCTTCCGGTGT.....TTGGTGTGCTGCTTTCCTTAGCGCCCTACGTATATGGTG	Hsap NM_000455 i02 Mmus NM_011492 i02	11 1 1 OK 01 2 1 OK
1100.049	AGTTTGTGGA GTATCCTTGTGAAGGTG.....ACCTGTTGTGCGCCCTGACACCAATTTAGATACAACAAAG AGTTTGTGGA GTATCCTTCCCAACA.....TTCTCTTATGCGCCCTGACGCAAACTCCAGATACAACAAA	Hsap NM_000932 i16 Mmus NM_008874 i16	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.050	GTCCCTGAAATATCCTTTCCTTCA.....AAATGAGTCTTCCTTAATGACCATCACCAATTCATGA GTCCCTGAAATATCCTTTCCTTCA.....AAGTGAACCTTCCTTAATGAGCATCACCAATTCATGA	Hsap NM_000946 i07 Mmus NM_008921 i07	11 4 1 OK 11 2 1 OK
1100.054	ATTTGGAGAAATATCCTTTTATCTG.....TTTGGACCCCTTGTTCCTTAACCTCAGCACTTATGATAT ATTTGGAGAAATATCCTTTTATCTG.....CTTGGCTTGTGCGCCCTTCCTTAACCTTGTGCACTTATGATAT	Hsap NM_001537 i02 Mmus NM_024219 i02	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.055	CGTATGGATCTATCCTTGGGGCAG.....CTGTACTCTTCCTTAACCTCTCCACCAGAGGGACACCA CGTATGGATCTATCCTTGGGGCC.....GTCATTTGCTTCCTTAACCTCTCTGTTAGAGGGACACCA	Hsap NM_001749 i06 Mmus NM_009795 i06	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.057	AGAACAGCTGATATCCTCTGGCCGT.....GGCAACAGCTTCCTTAACCTTACACTTTGGGCTAC AGAACAGCTGATATCCTCTGGCCATC.....AGCCACAGCTTCCTTAACCTTACACTTTGGGCTAC	Hsap NM_001950 i03 Mmus NM_148952 i03	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.058	TTAATAATAGATATCCTTTAAATAA.....AATGTTCTTCCTTAACCTCTATGACAGTACATTTTCTAT TTAATAACAGATATCCTTTCGAGAA.....AATGTTCTTCCTTAACCTCTATGACAGTACATTTTCTAT	Hsap NM_001951 i03 Mmus NM_007892 i03	11 2 0 OK 11 2 0 OK
1100.059	AAAATGAAAGATATCCTTTAAGTCTA.....TCGTGTAGAGATCCTTGACCTGACTTTACACTAGGATAT AAAATGAAAGATATCCTTCCATCAGT.....CATCTGTGCTAGATCCTTGACCTGACTTTACACTAGGATAT	Hsap NM_001952 i04 Mmus NM_033270 i04	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.061	AACACATAAACATATCCTTCTGGAAC.....TAAATGGTGTTCGCCTTAACACTTCCACTTGTGATGACAT AACACATAAACATATCCTTCTGGAAC.....GGAAATCACTTTCGCCTTAACACTTCCACTTGTGATGACAT	Hsap NM_002381 i07 Mmus NM_010770 i07	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.064	GGAACTGCAATATCCTTTATTTTC.....AFTGCTTTTCCTTAACCTAATGATCCTTCATGAGGAAAG GAACTGCAATATCCTTTATTTTC.....GTTTGGCTTCCTTAACCTGTTGCATCCACATGCAGGAAAGG AGGAAGCCATATCCTTTATCTTT.....TGTGTTGCTTCCTTAACCTGGTGTGATCCCATGAGGAAAG	Hsap NM_002763 i02 Mmus NM_008937 i02 Mmus NM_008937 i02_fixed	11 2 0 OK 01 2 1 OK? 11 2 1 OK
1100.068	CGTGGTGTGCTGATATCCTTGTGCGGT.....CTGTCTTTGTCCTTAACCTATGATGATCAGTATTGTAAAT CGTGGTGTGCTGATATCCTTGTGCGGT.....GTCAGTTTTCCTTAACCTAATGATGATCAGTATTGTAAAT	Hsap NM_003457 i01 Mmus NM_011751 i01	11 1 1 OK 11 3 2 OK
1100.070	CGTTAGAGAAATATCCTTTTGTGTT.....TTTAAAGTTTCCTTAGCAGTCTGTACAGACTCACTA CAATCAGAGAAATATCCTTTTGTGTT.....GTTTGAAGCTTCCTTAGCAGTCTGTACAGACTCACTA	Hsap NM_003589 i03 Mmus NM_146207 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.071	ACCTTTCTCCTATCCTTTAATGGC.....TAAATGAGAAACCTTAATTAATTAACCTAGAGATAICTAT ACCTTTCTCCTATCCTTTAATGAAA.....GACATGAGAAACCTTAATTAATTAACCTAGAGATAICTAT	Hsap NM_003591 i02 Mmus NM_029402 i02	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.073	TGGTCTCAAGATATCCTTCCCTT.....ACCTCTGTGTTGGGTCCTTGAATGGGCTACGCTCTGGAAG TGGATCAAGATATCCTTCCCTTCG.....TGGCTTGTCTGGGTCCTTGAATGGGCTATGCTCTGGAAG	Hsap NM_003801 i08 Mmus NM_010331 i08	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.076	ACTTGGAAATCTATCCTTGTGACGCTG.....CTGTCTTTTATTCCTTGACCTCTGTCCAGGTGGGATTT ACTTGGAAATCTATCCTTGTGACGCTG.....ACTGTCTTGTTCCTTGACCTCTGTCCAGGTGGGATTT	Hsap NM_004595 i10 Mmus NM_009214 i10	11 3 0 OK 11 3 0 OK
1100.079	CTGCTGCACTGTATCCTTAGCGCGG.....TGGAGACATTCCTTGAGCCTTGGCCGTCAGTGTCTAGCCT CTGCTGCACTGTATCCTTAGCGGTG.....TGCAGATATTCCTTGAGCCTTGGCCGTCAGTGTCTAGCCT	Hsap NM_004813 i07 Mmus NM_145122 i07	11 2 0 OK 11 2 2 OK

1100.080	AAATATCTTTATATCCTTTTTCGAA.....CGTGGCCACCTTAAACATCCTTCCAGTACGATATCTTAAA AAATATCTTTATATCCTTTTTCGAA.....CGTGGCCACCTTAAACATCCTTCCAGTACGATATCTTAAA	Hsap NM_005111 i11 Mmus NM_133679 i11	11 2 1 OK 11 3 1 OK
1100.081	CATTAATGCTGTATCCTTCTGACAC.....CCTTACGCTTCCTTACTGCCACTACATAGAACTGACAG CATTAATGCTGTATCCTTCTGACAC.....CCTTACGCTTCCTTACTGCCACTACATAGAACTGACAG	Hsap NM_005153 i05 Mmus NM_009462 i05	11 2 2 OK 11 2 1 OK
1100.082	TGGAGATGGAATATCCTTTGCTGAC.....GCTTCCTTACCTTTCCTTCAGACTTTAA TGGAGATGGAATATCCTTTGCTGAC.....GCTTCCTTACCTTTCCTTCAGACTTTAA	Hsap NM_005219 i10 Mmus NM_007858 i10	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.083	AAAATGACCATATCCTTCTTCAA.....TGGTCTGGTCCTTACTCCTTGGCTGCACAGCTTTTGA GAAATGACCATATCCTTCTTCAA.....TGGTCTGGTCCTTACTCCTTGGCTGCACAGCTTTTGA	Hsap NM_005219 i23 Mmus NM_007858 i23	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.084	ACAGCCAGGATATCCTTGGATTGGC.....AAAGTCATGTGGTCTTGTGCTCCACCTGGGCTAC ACAGCCAGGATATCCTTGGATTGGC.....AAAGTCATGTGGTCTTGTGCTCCACCTGGGCTAC	Hsap NM_005225 i04 Mmus NM_007891 i04	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.085	CTGCCAGAAATATCCTTTTGGATGT.....CATCGTGTTCATCAACCCCTTCACCGTGCATACT CATGCCAGAAATATCCTTTTGGATGT.....CATCGTGTTCATCAACCCCTTCACCGTGCATACT	Hsap NM_005338 i02 Mmus NM_146001 i02	11 1 1 OK 11 3 0 OK
1100.086	GTGAAACAGGTATCCTCAGAGTCT.....TTTACTTGTCTCTGTCCTTCCCAACCCAGGTGTGAGCT GTGAAACAGGTATCCTCAGAGTCT.....TTTACTTGTCTCTGTCCTTCCCAACCCAGGTGTGAGCT	Hsap NM_005441 i10 Mmus NM_028083 i10	11 1 2 OK 00 0 0 NOK
1100.087	GACAGCTCTGTATCCTTCTTCTGGA.....TCGTCTTGAACCTTAACTGAGAGGCTAGATTCCAGA GACAGCTCTGTATCCTTCTTCTGGA.....TCGTCTTGAACCTTAACTGAGAGGCTAGATTCCAGA	Hsap NM_005679 i07 Mmus NM_021441 i07	11 1 2 OK 11 1 1 OK
1100.088	GAGGAATGGCTATCCTTCCATTAA.....CAGATGACATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA GAGGAATGGCTATCCTTCCATTAA.....CAGATGACATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_005772 i05 Mmus NM_021525 i05	11 3 0 OK 11 1 0 OK
1100.089	ACACCCAACCATATCCTTAAATGT.....CTCCTGCTTGCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA ACACCCAACCATATCCTTAAATGT.....CTCCTGCTTGCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_005787 i07 Mmus NM_145939 i07	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.090	CATCCAGCCTGTATCCTTTCTGATG.....TCATGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA CATCCAGCCTGTATCCTTTCTGATG.....TCATGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_005879 i14 Mmus NM_011634 i14	11 2 0 OK 11 3 0 OK
1100.092	AGGAGCATTTGTATCCTTATATGT.....AAATGATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA AGGAGCATTTGTATCCTTATATGT.....AAATGATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006359 i10 Mmus NM_172780 i10	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.093	TTGATGATAATATCCTTAAATGAGG.....AGGACCAAGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA TTGATGATAATATCCTTAAATGAGG.....AGGACCAAGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006359 i14 Mmus NM_172780 i14	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.094	TGGCAAATCTGTATCCTTCTGAGT.....CTGGGTGAAATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA TGGCAAATCTGTATCCTTCTGAGT.....CTGGGTGAAATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006413 i10 Mmus NM_019428 i09	11 2 2 OK 11 2 1 OK
1100.095	GTGGCTGTCTGTATCCTTAAATTA.....TTGATGATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA GTGGCTGTCTGTATCCTTAAATTA.....TTGATGATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006571 i04 Mmus NM_011722 i04	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.096	TCTTTGATCTGTATCCTTGGAGGGT.....GACCTGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA TCTTTGATCTGTATCCTTGGAGGGT.....GACCTGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006598 i10 Mmus NM_011390 i10	11 1 0 OK 11 1 1 OK
1100.098	ATTGAAGAAGATATCCTTGTGTGTA.....TTTGTCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA ATTGAAGAAGATATCCTTGTGTGTA.....TTTGTCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006756 i06 Mmus NM_011541 i06	11 1 0 OK 11 2 1 OK
1100.099	CTGTACTGATGTATCCTTAAATTA.....TTGATGATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA CTGTACTGATGTATCCTTAAATTA.....TTGATGATCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006765 i07 Mmus NM_030254 i07	11 1 0 OK 10 1 0 NOK
1100.100	AGGACTCGTGCATCCTTACTCCCA.....CCTTAACTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA AGGACTCGTGCATCCTTACTCCCA.....CCTTAACTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_006767 i18 Mmus NM_025808 i18	11 4 0 OK 11 2 0 OK
1100.103	ACCCACAGTCTATCCTTCAAGGT.....CATTTTTCATAAACAATAATTCTTACAGCAACTACATA ACCCACAGTCTATCCTTCAAGGT.....CATTTTTCATAAACAATAATTCTTACAGCAACTACATA	Hsap NM_007107 i04 Mmus NM_026155 i04	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.104	CAACAAGACTGTATCCTTCTGCTCA.....ATTCTATCTCACCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA CAACAAGACTGTATCCTTCTGCTCA.....ATTCTATCTCACCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_007234 i06 Mmus NM_016890 i06	11 2 1 OK 11 1 1 OK
1100.105	TAATGAAACATATCCTTTCCATCT.....AGCGATTCAGTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA TAATGAAACATATCCTTTCCATCT.....AGCGATTCAGTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_007266 i03 Mmus NM_133756 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.106	TGACCTTACTGTATCCTTTCAGTAA.....TATCCCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA TGACCTTACTGTATCCTTTCAGTAA.....TATCCCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_012208 i04 Mmus NM_080636 i04	11 2 0 OK 11 1 1 OK
1100.107	GACTTTGTGATATCCTTTAAAGG.....TGTATTTATTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA GACTTTGTGATATCCTTTAAAGG.....TGTATTTATTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_012322 i02 Mmus NM_025520 i02	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.108	GTGCTTGGAGTATCCTTCAAGTCA.....AAGAAGTACTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA GTGCTTGGAGTATCCTTCAAGTCA.....AAGAAGTACTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_012333 i03 Mmus NM_019660 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.110	CCAGGCACATGTATCCTTCCAGCACT.....CCAGTTTCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA CCAGGCACATGTATCCTTCCAGCACT.....CCAGTTTCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_013234 i03 Mmus NM_028659 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.112	CTCCAGACTCATATCCTTCCAGGCC.....TGTCTGGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA CTCCAGACTCATATCCTTCCAGGCC.....TGTCTGGCTTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_014203 i19 Mmus NM_007458 i19	11 3 0 OK 01 3 0 OK
1100.113	TCACAAATCTGTATCCTTCAAGTAA.....TGAATTTAGTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA TCACAAATCTGTATCCTTCAAGTAA.....TGAATTTAGTCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_014607 i04 Mmus NM_026390 i03	11 1 2 OK 11 2 2 OK
1100.115	ACCCAGCTGTATCCTTTTACCTGG.....GACCTCAGTTTCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA ACCCAGCTGTATCCTTTTACCTGG.....GACCTCAGTTTCCTTAACTTCAAGGCTGACAGTACTTGA	Hsap NM_014956 i26 Mmus NM_172531 i11	11 2 1 OK 11 1 1 OK

1100.117	AAGGAAACACGTATCCTTCAGTCIT.....TGTITGTTTCITTAACCACTTATATTCAGAGCTCCAGC AAGGAAACACGTATCCTTCAGTCIT.....CTTTTTCATCITTAACCACTTATATTCAGAGCTCCAGC	Hsap NM_014970 i16 Mmus NM_010629 i16	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.118	GCAGTGCCCTGTATCCTTAATTA.....TCTCAGTTCCTTAACACTTTCCCAIAGATFCAGCCAT GCAGTGCCCTGTATCCTTAATTA.....GTGTTCCTTAACACTTTCCCAIAGATFCAGCCAT	Hsap NM_014982 i23 Mmus NM_018814 i17	11 1 0 OK 11 2 0 OK
1100.120	CTGTTTCTGTATCCTTACCCAA.....TCCTACTAGGCTTCCTTGACCCACCACAGCCCATACAT CTGTTTCTGTATCCTTACCCAA.....AGCGCCCTGCTTCCTTGACCCCTTGTGTAGCTCATACAT	Hsap NM_015399 i07 Mmus NM_134155 i07	11 2 0 OK 11 2 0 OK
1100.121	AAACTTTTCTGTATCCTTGAATACT.....TTGTTTCTACCTTAAATGATTTCAGTTGACTGTG AGGCAATTTCTGTATCCTTGAATACT.....TTATTTTCCACCTTAAATATTCTCAGTTGACTGTG	Hsap NM_015412 i04 Mmus NM_145972 i04	11 1 2 OK 11 1 1 OK
1100.122	CCACATTTGTATCCTTGGCAGAG.....TGCCTAACGTCCTTAAAGCTTTTTCCAGCTATGCCTC CCACATTTGTATCCTTGGCAGAG.....CCTGACTGTCCTTAAAGCTTTTTCCAGCTATGCCTC	Hsap NM_015604 i08 Mmus NM_030246 i07	11 3 0 OK 11 3 0 OK
1100.123	AAGTACTCACTATCCTTTTAAAGG.....ATTCCTTTGATCATCACCTTCCACCTTGGATGACCTCT AAGTACTCACTATCCTTTTAAAGG.....GTCCTTTGATCATCACCTTCCACCTTGGATGACCTCTG	Hsap NM_015631 i08 Mmus NM_026260 i10	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.125	GGCCAAAGTGTATCCTTATCCCA.....CATTTTCCTTCAAGGCTTATGAGTACATCTCTTAG GGCCAAAGTGTATCCTTATCCCA.....TCAATTTCCCTTCAAGGCTTATGAGTACATCTCTTAG	Hsap NM_016046 i06 Mmus NM_025644 i06	11 1 1 OK 11 1 2 OK
1100.126	TACAGAACTGTATCCTTTTAAAGG.....ACTTTTCAACATTCCTTAAAGGACTCTAGTATGGGATTC TACAGAACTGTATCCTTTTAAAGG.....TATTTAAAGTCTATTCCTTAAAGGACTCTAGTATGGGATTC	Hsap NM_016100 i02 Mmus NM_026425 i02	11 3 0 OK 11 1 0 OK
1100.127	TACATCAACCGTATCCTTAAAGG.....AAGAAACACTTTCCTTGAATGATTACAGAACTGTGTC TACATCAACCGTATCCTTAAAGG.....AAGAAATACGTTTCCTTGAATGATTACAGAACTGTGTC	Hsap NM_016200 i01 Mmus NM_133939 i01	11 3 2 OK 11 2 0 OK
1100.128	TGGAAGTTAATATCCTTGAATA.....ATTCCTTCAAGTATTCCTTAACTCTCTTACCTGTGATGA CTGGAAGTTAATATCCTTGAATA.....GTTCCTTCAAGTATTCCTTAACTCTCTTACCTGTGATGA	Hsap NM_016338 i17 Mmus NM_029665 i17	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.129	AAGATTTTCTATATCCTTTTAAAGT.....TGCCTGCTGTTTTCCTTAAAGTCTAGTACCTTTGAAAT AACCTTTTCTATATCCTTTTAAAGT.....ATAACAAGTTCCTTAAAGTCTAGTACCTTTGAAATG	Hsap NM_016478 i03 Mmus NM_172735 i02	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.131	TGGCCCTGTATCCTTGTGCTCC.....CTGCTATGTTGCCCTGAGCTCTCAGATCCGTTCTGA CTGGCCCTGTATCCTTGTGCTCC.....TCTCTATGTTGCCCTGAGCTCTCAGATCCGTTCTGA	Hsap NM_017751 i06 Mmus NM_029945 i06	11 3 2 OK 11 1 1 OK
1100.134	ATTTCTCTCTGTATCCTTGGCAGCTT.....TCCTAATCAGCCTTGAAGCTTCTCAGCAGACTGGGG CTTTCTCTCTGTATCCTTGGGAGCA.....TCCCGGTCTAAGCCTTGAAGCTTCTCAGCAGACTGGGG	Hsap NM_018066 i04 Mmus NM_133884 i04	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.135	GAGGACACAGATATCCTTTCAGAGT.....TACTCTTCTTTCCTTAACTATGGTTACAGAACTCAT GAGGACACAGATATCCTTTCAGAGT.....GTCTCTTCTTTCCTTAACTATGGTTACAGAACTCAT	Hsap NM_018117 i28 Mmus NM_172255 i28	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.139	GTCATCCCACTATCCTTTTACAA.....GTAGTTTCCTTAACTGTTACTCTTCTCAGTATGATCTCTG GTGATCCCACTATCCTTTTACAA.....TCCTTAACTGTTACTCTTCTCAGTATGATCTCTG	Hsap NM_018370 i02 Mmus NM_027878 i04	11 2 0 OK 11 1 0 OK
1100.140	TCTTGAATATATCCTTTGTTGCA.....CTTGGACGCTTAACTCACTGACTCTTAAAGAAATGCC TCTTGAATATATCCTTTGTTGCA.....TGTGGTTGGACGCTTAACTCACTGACTCTTAAAGAAATGCC	Hsap NM_018718 i08 Mmus NM_031998 i08	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.141	TTCCAAGATTGTATCCTTTTCTTT.....AACACTTCCTTAACTAGATGTTTGTAGTTACGGGGA TTCCAAGATTGTATCCTTTTCTTT.....CGGGTCTTCCTTAACTAGATGTTTGTAGTTACGGGGA	Hsap NM_020314 i10 Mmus NM_027815 i10	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.142	TCCTGTTGTTGTATCCTTCTTTAT.....GTTTAACTCCCTAATLACTCTGCTCAGTCAATTCAG TCCTGTTGTTGTATCCTTCTTTAT.....TCCCTTTCCTTAACTATCTGCTCAGTCAATTCAG	Hsap NM_020854 i23 Mmus NM_173187 i26	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.144	CCTCCAAATTAATCCTTTTAAACA.....TTATTGTTGTTACCTTGAACCAATACTGGGCAGACA CCTCCAAATTAATCCTTTTAAACA.....TTATTGTTGTTACCTTGAACCTAGATACTGGGCAGACA	Hsap NM_022459 i05 Mmus NM_020506 i06	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.145	CAATGACATCATATCCTTTAAATGAA.....CTACTTCTTCTTTGACCTTCACTAGATGAGTTCG CATGACATCATATCCTTTAAATGAA.....TAGTTCATCTTTGACCTTCACTAGATGAGTTCG	Hsap NM_022459 i19 Mmus NM_020506 i20	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.146	TTTGAAGTCTGTATCCTTCTTCAAGT.....GTTGGAATAATCTTGAACCTGTAAGTCTTCTCC TTTGAAGTCTGTATCCTTCTTCAAGT.....TGTGCAATCGTCTTCTTGAACCTGTAAGTCTTCTCC	Hsap NM_022490 i07 Mmus NM_022811 i07	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.147	AGAGCATCCAGTATCCTTGGAGGGCT.....GTGCTCTTGAAGCCTTAACTCAAGCTCAGGTTTGTGCTG AAAGCATCCAGTATCCTTGGAGGGCT.....ATGCTCTTGAAGCCTTAACTCAAGCTCAGGTTTGTGCTC	Hsap NM_022575 i09 Mmus NM_030559 i09	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.148	TGCAATCGTGTATCCTTCACTCTGT.....ATGCTGATTCITTAACCTTACAAAGCAAGATTACTGGCT CTGCAATCGTGTATCCTTCACTCTGT.....GCAATGATTCCTTGAACCTTACAAAGCAAGATTACTGGCT	Hsap NM_024295 i03 Mmus NM_024207 i02	11 2 1 OK 11 1 0 OK
1100.149	TACCTGGAACTGTATCCTTCCGTTGGA.....TTTGTAGATTAAACTTGACAAATATCAGAGGTCAACAT TACCTGGAACTGTATCCTTCCGTTGGA.....TTTGTGCAATTAAGTAACTTGACAAATATCAGAGGTCAACAT	Hsap NM_024532 i01 Mmus NM_029160 i01	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.151	GTCCCTCAGAGATATCCTTGTCAATGA.....ATTCTCGCTTCCTTCTGACCTCGCATCAGCTCTGAG GTCCCTCAGAGATATCCTTGTCAATGA.....TCTCTCTGCTTCCTTGAACCTTACCCACTGCTCAGAG	Hsap NM_024630 i05 Mmus NM_146073 i05	11 3 0 OK 11 1 0 OK
1100.152	CTTGTGAACTGTATCCTTCTCTGGGT.....TTGTTTGGTTCTTAACTCTAGACCCAGTACTATGTT CTTGTGAACTGTATCCTTCTCTGGGT.....GTTCTTTTCGTTGGCTTAACTCTAGACCCAGTACTATGTT	Hsap NM_024662 i14 Mmus NM_153126 i14	11 1 1 OK 11 1 2 OK
1100.153	AGACCTACAGTATCCTTCCAAACAA.....TTTCTCTTCCTTGAACCTCAAGTGTAAAGTACTTAACT AGACTCTACAGTATCCTTCCAAACAA.....CGTCTCTTTCCTTGAACCTCAAGTGTAAAGTACTTAACT	Hsap NM_024749 i03 Mmus NM_144879 i03	11 2 0 OK 11 2 1 OK
1100.154	GAAATGGACTGTATCCTTTAATATA.....AATTTATATTCITTAACCTAAAAATATTAAAGCTATTAAGG GAAATGGACTGTATCCTTTAATATA.....TAACTTATTCITTAACCTAAAAATATTAAAGCTATTAAGG	Hsap NM_024788 i03 Mmus NM_172447 i03	11 1 1 OK 11 1 2 OK
1100.155	CTGGAGATCTGTATCCTTGGGGTGG.....ATGCCAGCCCTTAACTTAACTGTGCCAGACAAGAAGAT CTCAAGATCTGTATCCTTGGGGTGG.....TGTGAGCCCTTAACTTAACTGTGCCAGACAAGAAGAT	Hsap NM_024821 i02 Mmus NM_172428 i02	11 1 1 OK 01 1 1 OK

1100.156	CTCCTGATGGATATCCTTTGGGAAGTC.....TTTCATATTTTCCTTAACTCGTCACACCTTTGAAATT CTCCGATGGATATCCTTTGGGAAGTC.....TTTACCTCCTTACCTTACCTTTC	Hsap NM_024831 i11 Mmus NM_054089 i11	11 1 0 OK 11 2 1 OK
1100.158	GTAACTACCCGTATCCTTTATACAAA.....GTTTTCCTTGACTACCCACCTCTTCAGCTGGGAAGT GTCAAGTCCGTATCCTTTATACAAA.....GTTTTCCTTGACTACCCACCTCTTCAGCTGGGAAGT	Hsap NM_024885 i07 Mmus NM_028958 i08	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.159	AGAATCTGGGCTGTATCCTTCTTTGATG.....CCGTTGTTTCCTTACTGGACACGACCGATGGCCITCA AGAATCTGGGCTGTATCCTTCTTTGATG.....CCGTTGTTTCCTTACTGGACACGACCGATGGCCITCA	Hsap NM_024911 i08 Mmus NM_026582 i08	11 4 2 OK 11 2 1 OK
1100.161	AACAATATATGTATCCTTTGATGCA.....CTGTTCCTGAACTTTCTTTTCATCCAGAAAGGAGAATG AACCATATATGTATCCTTTGATGCA.....GCCATTCCTGAGCTTTCCTTACCTAGAAAGGAGAATG	Hsap NM_025139 i06 Mmus NM_030184 i06	11 2 1 OK 11 2 2 OK
1100.162	ACGCTGAACCATATCCTTTGGGGCTC.....CGAACCCACAGGCCTTCCTTAACCGCTACCTGGCTAGCT ACGCGAAGAACATATCCTTTGGGGCTC.....CTGTGAGACACCTTCCTTAACCGCTACCTGGCTAGCT	Hsap NM_030592 i06 Mmus NM_013592 i10	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.164	CTGAAGTGTGATATCCTTTTGTTCG.....ATAAATCATATATTCCTTAATCAAATCAGTGAAGCATAT CTGAAGTGTGATATCCTTTTGTTCG.....ATAAATCATATATTCCTTAATCAAGTTCAGTGAAGCATAT	Hsap NM_030932 i05 Mmus NM_019670 i11	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.165	AAAGATGTCCATATCCTTTGATAGC.....AAATTTCTGAAATACCTTAACATAGTATACAGATTTTCTTA AAAGATGTCCATATCCTTTGATAGC.....AAATTTCTGAAATACCTTAACATAGTATACAGATTTTCTTA	Hsap NM_030932 i17 Mmus NM_019670 i23	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.166	TCCTGGGGCAATATCCTTCCCTTACG.....CTAGGCTTCCTTAACCTGGTGGTATGCGACAGGGGACATG TCCTGGGGCAATATCCTTCCCTTACG.....CTAGGCTTCCTTAACCTGGTGGTATGCGACAGGGGACATG	Hsap NM_030978 i01 Mmus NM_028809 i01	11 3 0 OK 11 3 0 OK
1100.167	TCCAAAGCTTATATCCTTTCTGTGAT.....CCGGCCCTTCGCTTAACCTGGGGCTGCAGATGGCTCAG TCCAAAGCTTATATCCTTTCTGTGAT.....CCGGCCCTTCGCTTAACCTGGGGCTGCAGATGGCTCAG	Hsap NM_031294 i11 Mmus NM_029044 i11	11 1 1 OK 11 1 2 OK
1100.168	CATCAGCTTCTATCCTTCTACCATAGCT.....TAGGACAGACCCCTTAACAAAGTCTCACAGGGCAGAGACG CATCAGCTTCTATCCTTCTACCATAGCT.....TAGGACAGACCCCTTAACAAAGTCTCACAGGGCAGAGACG	Hsap NM_032204 i12 Mmus NM_029291 i12	11 1 1 OK 01 2 1 OK
1100.170	GTGTTCAGATATCCTTTCCAAAT.....TTACAGCTAAATGACCTTGAATATCAACGTCCATATAT GTGTTCAGATATCCTTTCCAAAT.....TTACAGCTAAATGACCTTGAATATCAACGTCCATATAT	Hsap NM_032352 i06 Mmus NM_027867 i05	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.171	AAGCTACAGCGTATCCTTCCCTCAGGC.....GTGATGCCGTTCCCTTACCTTAAACAGGCAAGGCTTCC AAGCTACAGCGTATCCTTCCCTCAGGC.....GTGATGCCGTTCCCTTACCTTAAACAGGCAAGGCTTCC	Hsap NM_032353 i02 Mmus NM_026776 i02	11 2 2 OK 11 3 2 OK
1100.172	AGCCTAICTGTATCCTTCTGCGCTG.....GACCTTCCTTAACCTCGCTCCAGCCATTGCGGG AGCCTAICTGTGTATCCTTCTGCGCTG.....GACCTTCCTTAACCTCGCTCCAGCCATTGCGGG	Hsap NM_032354 i03 Mmus NM_028336 i03	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.173	TCATCACTCAATATCCTTTGATGCT.....CTGAAGACTACCTTGAATCCACTCCTCCAGGATCGTGTGC TCATCACTCAATATCCTTTGATGCT.....CTGAAGACTACCTTGAATCCACTCCTCCAGGATCGTGTGC	Hsap NM_032826 i09 Mmus NM_021435 i09	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.174	ATGCCAGAGCGTATCCTTTGCTCT.....GTCCAGCAATACCTTTCCTGAGCTTGCCTCAGACTGGGCTTC ATGCCAGAGCGTATCCTTTGCTCT.....GTCCAGCAATACCTTTCCTGAGCTTGCCTCAGACTGGGCTTC	Hsap NM_033070 i03 Mmus NM_144815 i03	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.175	CAGCCAAGTTGTATCCTTCAAGGT.....GGTTGCTCCTTGAACCTGGAGCCCTCAGCGAAGGCG CAGCCAAGTTGTATCCTTCAAGGT.....GGTTGCTCCTTGAACCTGGAGCCCTCAGCGAAGGCG	Hsap NM_138338 i05 Mmus NM_030229 i04	11 2 2 OK 11 2 1 OK
1100.176	CCAAACAGGATATCCTTACCAAGAA.....ATCACAATATCCTTAACCAATCACTGAGTCAAAAATC CCAAACAGGATATCCTTACCAAGAA.....ATCACAATATCCTTAACCAATCACTGAGTCAAAAATC	Hsap NM_139126 i11 Mmus NM_026141 i11	11 1 0 OK 11 3 1 OK
1100.177	ATGAAGAGGATATCCTTTCTGGAGT.....TTCCATCTGACTTCCTTAACCAATCACTGAGTCAAAAATC ATGAAGAGGATATCCTTTCTGGAGT.....TTCCATCTGACTTCCTTAACCAATCACTGAGTCAAAAATC	Hsap NM_144609 i03 Mmus NM_025918 i03	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.178	TCTGACAAACGTATCCTTTCTGGTCC.....CTGTAACCTAATCCCTTAACCTACCTGAGTTCGTGCTCC TCTGACAAACGTATCCTTTCTGGTCC.....CTGTAACCTAATCCCTTAACCTACCTGAGTTCGTGCTCC	Hsap NM_144609 i04 Mmus NM_025918 i04	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.180	ACATGCTTGTATCCTTTCTGATC.....CACAGCTGTCTCCTTACCACTTGTAGATATTGCTGCT ACATGCTTGTATCCTTTCTGATC.....CACAGCTGTCTCCTTACCACTTGTAGATATTGCTGCT	Hsap NM_152391 i03 Mmus NM_172574 i03	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.181	GAGGAGGACTGTATCCTTTCTTAAAT.....ATTCTATTTTCCTTAACATGTTCTATTCAGATGAGAAAGC GAGGAGGACTGTATCCTTTCTTAAAT.....ATTCTATTTTCCTTAACATGTTCTATTCAGATGAGAAAGC	Hsap NM_152609 i04 Mmus NM_146105 i04	11 1 1 OK 11 1 2 OK
1100.185	CTGCTCACTGTATCCTTCTGAGT.....ACACCCCTATCCTTAACCTCCCAACAGGCGCTTCAATA CTGCTCACTGTATCCTTCTGAGT.....ACACCCCTATCCTTAACCTCCCAACAGGCGCTTCAATA	Hsap NM_173852 i02 Mmus NM_025327 i02	11 2 0 OK 01 1 1 OK
1101.036	CAGTACAGATATCCTTTCTTCTGTA.....ATGGCTATTCCTTAACCTGCTTCCATATGAGAAATT TGCAGTACAGATATCCTTTCTTCTGTA.....ATGGCTATTCCTTAACCTGCTTCCATATGAGAAATT TGCAGTACAGATATCCTTTCTTCTGTA.....ATGGCTATTCCTTAACCTGCTTCCATATGAGAAATT	Hsap NM_005312 i15 Hsap NM_005312 i15_fixed Mmus NM_054050 i15	01 2 1 OK? 11 2 1 OK 11 1 1 OK
1101.044	CTGGCTGTTGATCCTTCAAGCCG.....GGAGCTTTTCCATTAACTAATCTCCAGATATTAGCAT CTGGCTGTTGATCCTTCAAGCCG.....GGAGCTTTTCCATTAACTAATCTCCAGATATTAGCAT	Hsap NM_000123 i01 Mmus NM_011729 i01	11 1 2 OK 11 1 1 OK
1101.051	GTCTTAACTGTATCCTTTGGGCTA.....GCTTTCTGATCCTTAACCTGAACTTTCAGCTCACAATG GTCTTAACTGTATCCTTTGGGCTA.....GCTTTCTGATCCTTAACCTGAACTTTCAGCTCACAATG	Hsap NM_001240 i01 Mmus NM_009833 i01	11 1 2 OK 11 2 1 OK
1101.052	GTACAGACAAATATCCTTTACCGGT.....GAAAGCTTCCTTAACCTCAGCTTCCAGAGCGGTGGAGGA GTACAGACAAATATCCTTTACCGGT.....GAAAGCTTCCTTAACCTCAGCTTCCAGAGCGGTGGAGGA	Hsap NM_001286 i05 Mmus NM_011929 i05	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1101.053	CAAGAAATACATATCCTTTCTGAA.....CACAGCTTCCCTTAACCTGAGGCTTCCAGAGATCTTCAA CATGAATACATATCCTTTCTGAA.....CACAGCTTCCCTTAACCTGAGGCTTCCAGAGATCTTCAA	Hsap NM_001388 i07 Mmus NM_021354 i07	11 1 2 OK 11 3 2 OK
1101.056	AGCACCTCTTATATCCTTTCTCAGAGC.....AAGCTCGTTCCTTAACCTCACCCTCCAGCTGGAGATCC AGCACCTCTTATATCCTTTCTCAGAGC.....AAGCTCGTTCCTTAACCTCACCCTCCAGCTGGAGATCC	Hsap NM_001923 i25 Mmus NM_015735 i25	11 1 0 OK 11 1 1 OK
1101.060	CTGATGCCAAATATCCTTTTCCCTT.....TTATCAAAATGACCTTGAATCTTCAACAGAAATCCACCA CTGATGCCAAATATCCTTTTCCCTT.....TTATCAAAATGACCTTGAATCTTCAACAGAAATCCACCA	Hsap NM_002013 i07 Mmus NM_013902 i06	11 3 1 OK 11 1 0 OK

1101.062	GGAAGGGACTGTATCCTTGCTCCTT.....GGAGTATTTTCTTAGCTACTTGATTTAGATATTGATCA GGAAGGGACTGTATCCTTGCTCCTT.....GGAGTATTTTCTTAGCTACTTGATTTAGATATTGATCA	Hsap NM_002750 i06 Mmus NM_016700 i07	11 2 2 OK 11 2 2 OK
1101.063	GGAAGGGACTGTATCCTTGACCTTT.....FCTTTTTCCCTTAACGTTCAAATCAGATATTGACCA GGAAGGGACTGTATCCTTGACCTTT.....FCTTTTTCCCTTAACGTTCAAATCAGATATTGACCA	Hsap NM_002753 i09 Mmus NM_009158 i07	11 1 1 OK 11 3 1 OK
1101.065	AGAGAAGATCTATCCTTTTATTTTC.....CCATTTATGGCTCTTAACTTTTGTTCAGTATTGACAT AGAGAAGAATCTATCCTTTTATTTTC.....TTGTTATCAACCTCTTAACTTTTGTTCAGTATTGACAT	Hsap NM_002869 i07 Mmus NM_024287 i07	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1101.066	GTCCCTGATAGTATCCTTCAATGTA.....ACAGGATGCAACTTAACTCAGCACACAGATTATGGCGA GTCCCTGATAGTATCCTTCAATGTA.....ACAGGATAACTTAACTCAGTTGCCAGATTATGGTGA	Hsap NM_002911 i08 Mmus NM_030680 i09	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1101.067	GGATTGCCCGTATCCTTGGCACT.....TCTCTTCCGTTCCTTAACCTTGAAGCAGTGTGACAAAT GGATTGCCCGTATCCTTGGCACT.....TCTCTTCCGTTCCTTAACCTTGAAGCAGTGTGACAAAT	Hsap NM_003145 i03 Mmus NM_025448 i02	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1101.069	TTGAGTATGATATCCTTGTGGCA.....TGCTTGCATGCTCTTGAATTCCTTGAATGCAAGCCAGCCTCCGCTG TTGAGTATGATATCCTTGTGGCA.....ACACATGATTCCTTGAATTCCTTGAATGCAAGCCAGCCTCCGCTG	Hsap NM_003504 i10 Mmus NM_009862 i11	11 1 0 OK 01 1 0 OK
1101.072	GATCCCTGACTGTATCCTTATTTTGGG.....ACTTCGTGATATTCCTTAACAACTTCCAGGGGACACAA GATCCCTGACTGTATCCTTATTTTGGG.....CTAGTCATGATTCCTTAACAACTTCCAGGGGACACAA	Hsap NM_003757 i03 Mmus NM_018799 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1101.074	TTTTGACAGCTATCCTTCAAGAGT.....TACTTCTTTTCCTTAACTTTTAACTAGATTGCTAAT TTTTGACAGCTATCCTTCAAGAGT.....TACTTCTTTTCCTTAACTTTTAACTAGATTGCTAAT	Hsap NM_004301 i05 Mmus NM_019673 i05	11 3 1 OK 11 2 1 OK
1101.075	TATGGTAGAGATATCCTTGTGTAT.....TACCATAATTCCTTAACTGTGCGCACATTGACCAA TGGTAGAGATATCCTTGTGTAT.....TCAAATTTCTTAACTGTGCGCACATTGACCAAATG TATGGTAGAGATATCCTTGTGTAT.....CACTATAATTCCTTAACTGTGCGCACATTGACCAA	Hsap NM_004595 i06 Mmus NM_009214 i06 Mmus NM_009214 i06_fixed	11 3 0 OK 01 2 1 OK? 11 2 1 OK
1101.077	TATCTTCTGCTATCCTTCTTCCCT.....TCACTCTTTCTTAAACACATATACTTTAGATGGAGAGAA TATCTTCTGCTATCCTTCTTCCCT.....AGCTGATGTTCTTAAACATATACTTTAGATGGAGAGAA	Hsap NM_004632 i05 Mmus NM_022994 i05	11 1 1 OK 01 1 1 OK
1101.078	GAAGTGTGTATATCCTTCTGGTAG.....CTGCTGATCTTTCCGTAACCTGTGACACAGAGGACGAC GAAGTGTGTATATCCTTCTGGTAG.....AGTCTGATCTTTCCGTAACCTGTGACACAGAGGACGAC	Hsap NM_004649 i06 Mmus NM_138601 i06	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1101.091	GACAGCTTTAATATCCTTTTGTATA.....AGATCTCATTAAGCTTAACTAGCTTACGTGACAAAGT AAGAGCTTTAATATCCTTTTGTGTGCA.....GATCTGTTAGCTTAACTAGCTTACGTGACAAAGT	Hsap NM_006359 i07 Mmus NM_172780 i07	11 2 1 OK 11 1 2 OK
1101.097	GACGAGAAGTCTATCCTTCTTGCAG.....CAGCTGTGCTCTTAACTCTGTGACACAGACATGGAGTT GACGAGAAGTCTATCCTTCTTGCAG.....AGATGTGTATGCTCTTAACTCTGTGACACAGACATGGAGTT	Hsap NM_006598 i23 Mmus NM_011390 i23	11 1 1 OK 11 3 1 OK
1101.101	GTTGATCTGATATCCTTCTTTTAA.....TTGCTTATTTCCTTAACTGTGACCTCCAGACCTCAACAG GTTGATCTGATATCCTTCTTTTAA.....TTGCTTATTCCTTAACTGTGACCTCCAGACCTCAACAG	Hsap NM_006773 i13 Mmus NM_025860 i12	11 3 1 OK 11 3 0 OK
1101.102	TGTGGCCCAATATCCTTTATGTG.....AGCTCAAATTCCTTGAATCTTGGACCTTACCACGCA TGTGGCCCAATATCCTTTATGTG.....AGCTGTGGTTCCTTGAATCTTGGACCTTACCACGCA	Hsap NM_007023 i17 Mmus NM_019688 i16	11 3 0 OK 11 2 0 OK
1101.109	AAATTATCAATATCCTTTTAAACC.....AGGCCAGTTTCCTTAACTTAAAGCTCCAGTGTCTGATTT AAGTTATCAATATCCTTTTAAACC.....AGCCTAATTTTCCTTGAATAGATCTCTAGTGTCTGATTT	Hsap NM_012381 i19 Mmus NM_015824 i19	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1101.111	TACCAITGTTGATCCTTCCAGGCT.....TAAATAGTTTCCTTGAATCTGTTCTTTCCAGGATCATAG TACTATTGTTGATCCTTCCAGGCT.....TAGAATAAGTTTCCTTGAATCTGTTCTTTCCAGGATCATAG	Hsap NM_014060 i04 Mmus NM_026902 i04	11 3 2 OK 11 1 2 OK
1101.114	GGGCAGTCAATATCCTTCTGATG.....ATGCTAATCAACTTAACTTGAATTCCTTAACTTGAAT GGGCAGTCAATATCCTTCTGATG.....ATGCTAATCAACTTAACTTGAATTCCTTAACTTGAAT	Hsap NM_014845 i07 Mmus NM_133999 i07	11 2 1 OK 11 1 2 OK
1101.116	AAGAAAGCTGATATCCTTTAGAGT.....AGTATGGATGTCCTTAACTAAGTTTACATTGATGAAGA AAGAAAGCTGATATCCTTTAGAGT.....TCATGCTTGCATTCCTTAACTTGAATTTACATTGATGAAGA	Hsap NM_014970 i07 Mmus NM_010629 i07	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1101.119	TTTGGAAATGATATCCTTGTGATAT.....TGCTCTTTAGATTCCTTAACTTGAATTCCTTAACTT CTGGAAATGATATCCTTGTGATAT.....GCTGCTTGAATTCCTTAACTTGAATTCCTTAACTTCC TTTGGAAATGATATCCTTGTGATAT.....CTGCTGCTTGAATTCCTTAACTTGAATTCCTTAACTT	Hsap NM_015336 i10 Mmus NM_172554 i10 Mmus NM_172554 i10_fixed	11 1 0 OK 01 1 0 OK? 11 1 0 OK
1101.124	CATTGTTCAGATATCCTTCTGCTG.....CAGTGTTCCTTAACTTGAATTTACCCAGTACCTGATTT CATTGTTCAGATATCCTTCTGCTG.....AGCTGATTCCTTAACTTGAATTTACCCAGTACCTGATTT	Hsap NM_015884 i10 Mmus NM_172307 i10	11 1 0 OK 11 2 0 OK
1101.130	TGCTGAAAAAATATCCTTTTCTGTT.....CTTGTGTTGATTCCTTAACTTAAATTAACCTACCCCTG TGCTGAAAAAATATCCTTTTCTGTT.....TGTGTTGATTCCTTAACTTAAATTAACCTACCCCTG	Hsap NM_017599 i06 Mmus NM_172538 i06	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1101.132	CGCAAGAAAAATATCCTTCTGCTG.....AGATCACCTTCCTTAACTTCAAGTCTGACAGGATCAAGGA CGCAAGAAAAATATCCTTCTGCTG.....CATAGGCTGATTCCTTAACTTCAAGTCTGACAGGATCAAGGA	Hsap NM_018052 i08 Mmus NM_146216 i08	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1101.133	TCCAGAAGTTGATCCTTCTCTCAG.....CTGACAGACTTTCCTTGAATGCACTCCAGTGGGGACCTG TCCAGAAGTTGATCCTTCTCTCAG.....TAGGAGACTTTCCTTGAATGCACTCCAGTGGGGACCTG	Hsap NM_018052 i16 Mmus NM_146216 i16	11 1 0 OK 11 3 0 OK
1101.136	TACGTTACAAATATCCTTTCTCTG.....ATGTTGGTTAACTTGAATCTGCTGAGATTATTGATAT TATGTTACAAATATCCTTTCTCTG.....CTGTTGGTTGAATCTGAACTGCTGAGATTATTGATAT	Hsap NM_018142 i15 Mmus NM_027590 i15	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1101.137	GGAAACCCAGATATCCTTGGAGCACT.....AGCACTCATTCCTTGAATCACCATGCCAGATACAGAGAG GGAAACCCAGATATCCTTGGAGCACT.....TGGGCTATTTCCTTGAATCACCATGCCAGATACAGAGAG	Hsap NM_018150 i09 Mmus NM_025739 i09	11 1 0 OK 11 2 0 OK
1101.138	GTACATACAGATATCCTTTTGGCT.....GATGGAATACTTCCTTAACTTCAAGATTACCCCTGT ATACATACAGATATCCTTTTGGCT.....AGACAGAAAGTCTTCCTTAACTTCAAGATTACCCCTGT	Hsap NM_018247 i06 Mmus NM_133718 i06	11 1 2 OK 11 2 2 OK
1101.143	AGACAGATCAATATCCTTAAACCT.....ATGCTTTTCCTTAACTTATCTGTTTCAGAGCAGTGA AGACAGATCAATATCCTTAAACCT.....CCAATTTTCCTTAACTTATCTGTTTCAGAGCAGTGA	Hsap NM_021940 i03 Mmus NM_028534 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1101.150	AGTCATGCTGATATCCTTTTGCAGTA.....GTGTTATGCTTTGTTTCCTTAACTTAAATAGTTGGCATGT AGTCATGCTGATATCCTTTTGCAGTA.....GTGTTATGCTTTGTTTCCTTAACTTAAATAGTTGGCATGT	Hsap NM_024561 i03 Mmus NM_025832 i03	11 1 0 OK 11 1 0 OK

1101.157	GGACGATTTTATATCCTTACTTCCTG.....AGTCGGATCTTCCTTAACAGAGCCACAGGACTACATC GGACGATTTTATATCCTTACTTCCTG.....AGTCGGATCTTCCTTAACAGAGCCACAGGACTACATC	Hsap NM_024845 i05 Mmus NM_029090 i05	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1101.160	GGATACAGATATCCTTGTACTTG.....CTTAGTTTGAACCTTAAGTGTAACTCACAAFAACCTCA GGATACAGATATCCTTGTACTTG.....CTTAGTTTGAACCTTAAGTGTAACTCACAAFAACCTCA	Hsap NM_024946 i04 Mmus NM_028221 i05	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1101.163	GATAATACAGATATCCTTTCAGATCT.....TATGTCTGTATACCTTAACATTTTCACATGTGTCCAT GATAATACAGATATCCTTTCAGATCT.....TATGTCTGTATACCTTAACATTTTCACATGTGTCCAT	Hsap NM_030877 i04 Mmus NM_025680 i04	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1101.169	CACTGCGGTATCCTTTTCTTC.....GATCTATTCCTTAATCATTTCACACCAGCCTGGCTAAA CACTGCGGTATCCTTTTCTTC.....GATCTATTCCTTAATCATTTCACACCAGCCTGGCTAAA	Hsap NM_032327 i05 Mmus NM_023740 i06	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1101.179	AGCTGGCACGTATCCTTTCACCTGC.....GCTTCAATTTTCCTTAACAACCCAGCTACATTAAA AGCTGGCACGTATCCTTTCACCTGC.....GCTTCAATTTTCCTTAACAACCCAGCTACATTAAA	Hsap NM_144709 i16 Mmus NM_028956 i16	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1101.182	AGCAGCAATACTATCCTTAAAAAAA.....TCTTTGATGCTCCATAACTCCACATTACATAACTTTT AGCAGCAATACTATCCTTAAAAAAA.....TCTTTGATGCTCCATAACTCCACATTACATAACTTTT	Hsap NM_152905 i02 Mmus NM_008682 i02	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1101.183	GATGCTGATGATCCTTCTCAGG.....ATTATGTTCTTAACGTGGAAATTTCTTAGGCTGATGAAA GATGCTGATGATCCTTCTCAGG.....ATTATGTTCTTAACGTGGAAATTTCTTAGGCTGATGAAA	Hsap NM_152991 i04 Mmus NM_021876 i04	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1101.184	CTTTTGCATCTATCCTTCAAAAGAT.....GTGGTTTTCCTGAAGTTTTCCTTCAGCAGCAAAGTTCTA CTTTTGCATCTATCCTTCAAAAGAT.....GTGGTTTTCCTGAAGTTTTCCTTCAGCAGCAAAGTTCTA	Hsap NM_153354 i05 Mmus NM_175187 i05	11 1 1 OK 11 1 1 OK