1100.033	TACAAAGACTGTATCCTAGACCCTTG······GATCCTTCACTGAGTCCTTCCACCCGCCCAGTCCGCGGGGA	Hsap	NM_004722	i01	00 1 0 OK
	TATAAAGACTGTATCCTTTGACCCGG······TGTTCCTTAACTATCTTTCCACCTGGCTAGTCCGCGGGGA	Mmus	NM_021392	i01	11 1 0 OK
1100.034	TGACCTCACTGTATCTTTCTAAACTT······GGGGCTTTCTCCTTAACTCTTTGTCATCAGGTTCCTTTTG	Hsap	NM_002109	i04	01 2 0 OK
	TGACCTTACTGTATCCTTCTAAACCA······GGCTTCTTTTTCTTAACACTGTGTTATCAGGTCCCTTTTG	Mmus	NM_008214	i04	11 1 1 OK
1100.035	ACCAGGAAACATATCCCTTCCCAGAG······ACCTGCACCTCTCCTTAACTCTGAGTCCACTGGAAGCTGT	Hsap	NM_002379	i07	01 2 0 OK
	ACCAGGAAGCATATCCTTTCTCAGGC······GCGTGCACCCGCCCTTAACTCCATGTCTACTGGAAGCTGT	Mmus	NM_010769	i07	11 3 1 OK
1100.037	AGTTTGGAGAGTATCCTAGAGTAATC······TGGTAAGATTTTCCTTAATCTCGACTCTAGTTCTTCAGAT	Hsap	NM_014230	i01	01 1 1 OK
	AGTTTGGAGAGTATCCTCGAGCGGTG······CCGGAAGCTTTTCCTTGACCTAGGCTCTAGTTCTGCAGAT	Mmus	NM_146032	i01	11 1 0 OK
1100.038	TGCGGGGCATATCCTTACCTTCTTAG······AAGAAAGATTATGCCTTAATTATTTCACATATGAGGTTTA	Hsap	NM_014563	i03	01 1 2 OK?
	ACTGCGGGGCATATCCTTACCTTCTT······CTAAGAAAGATTATGCCTTAATTATTTCACATATGAGGTT	Hsap	NM_014563	i03_fixed	11 1 2 OK
	ACTGCAGGGCATATCCTTACCTTATG······CTAGAAAGACCACGCCTTAACTCTCTGCACATATGAGATT	Mmus	NM_025432	i03	11 2 1 OK
1100.039	TATGAACTTTGTATCTTTTGAATGTT······TTATTTTTAGTCCTTAATCATAATTAAAAGATATGGCCAT	Hsap	NM_018206	i03	01 1 1 OK
	TATGAACTTTGTATCCTTTGACTGTT······TTATTCTTAATCCTTAATCATAATTAAAAGATATGGCTAT	Mmus	NM_022997	i03	11 2 1 OK
1100.040	TCCTTGAGACATATCCTTCTGAGTTC······CAGCTGTGGGCTTCCTTAACAGCCACTCACCTACAAGGAC	Hsap	NM_031294	i08	01 3 0 OK
	TCCTTGAAGCATATCCTTTCTAAGTC······GAGCCCCAAGCTTCCTTAACAGCCACTTACCTACAAGGAC	Mmus	NM_029044	i08	11 3 0 OK
1100.041	TTTGCATAATATCCTTTATCACAAGA······TTGTTCTCTTCCTTAACACTTGGGTTACATGAATATCCTT	Hsap	NM_032494	i06	01 2 0 OK
	TATTTACATAATATCCTTTATCACAA······AAATTATTATTTTCTTTAACACTGTGCTACGTGAATACCC	Mmus	NM_020594	i06	11 1 1 OK
1100.042	TGTAAACTCTGTATCCTTTACTAAGG······TCCTGGTTTAGAATTTCCTATAACATGTGGATTCTTCATC	Hsap	NM_013326	i11	10 0 0 OK
	TGTAAACTCTGTATCCTCACGAAGGT······TCCCAATGTGGAGTTTCCTTTAACATACAGATTCCTCTTC	Mmus	NM_029623	i11	11 2 2 OK
1100.043	CCTACTCCATGTATCCTTCCACCTGA······CTGGGCTGTTCCTTAACCACATGGCTTCAGTGTGGCGGGC	Hsap	NM_000101	i02	11 1 0 OK
	CCTACTCTATGTATCCTTCTACTGGG······CTAGCATGGCTTTCCTTAACCTCACCGCAGCGCTGCAGGT	Mmus	NM_007806	i02	11 1 0 OK
1100.045	AAATTAGAGAATATCCTTTGCTTCTT······AAAATATTTATAAGTCTTAACTGCATGCATATTTTGTCAG	Hsap	NM_000123	i13	11 1 2 OK
	AGATTAGAGAATATCCTTTCTTTCTT······AAAACTTCTATAAACCTTAACTGCCAGCACATTTTGTCAG	Mmus	NM_011729	i13	11 1 1 OK
1100.046	GGCATGTATGGTATCCTTTATCCTTC······ATGCTGGACCTTAACATCTTTTTTTCCAGCTAATTTGGG	Hsap	NM_000436	i09	11 2 1 OK
	GGCATGTACGGTATCCTTTGTCAGCC······TGTTCCCCTTAACTGACGTCTTTCCTCCAGCTAACTTGGG	Mmus	NM_024188	i09	11 1 1 OK
1100.047	GCCAGTCCAAGTATCCTTGACTAGAG······ATGTGTTGGCTGCTCTTTAACTTGCATCAGATATTGCTAC	Hsap	NM_000449	i07	11 2 1 OK
	GCCAGTCCAAGTATCCTTGACCCAGA······AAATTTTGGCTGTTCCTTAACGTGGATCAGATATTGCTAC	Mmus	NM_017395	i05	11 1 0 OK
1100.048	AGCAGAAAATATATCCTTTCCGGTGT······CCCCTGAGCTGTGTGTCCTTAGCGCCCCACGTATATGGTG	Hsap	NM_000455	i02	11 1 1 OK
	AGCAGAAGATATATCCTGTGGGTGGA······CTTGGTGTGCTGCTTTCCTTAGCGCCCTACGTATATGGTG	Mmus	NM_011492	i02	01 2 1 OK
1100.049	AGTTTGTGGAGTATCCTTTGAAGGTG······ACCTGTGTGGCCCCTGACCACCAATCTCAGATACAACAAG	Hsap	NM_000932	i16	11 1 2 OK
	AGTTTGTGGAGTATCCTCCCCAGACA······TTCTCTTATGGCCCTGACCGACAACCCCAGATACAACAAA	Mmus	NM_008874	i16	11 1 2 OK
1100.050	GTTCCTGAAAATATCCTTTCCCGTGA······AAATGAGTCTGTTCCTTAATGACCCATCACCAATTCATGA	Hsap	NM_000946	i07	11 4 1 OK
	GTTCCTGAGAATATCCTTTCCTGCGG······AAGTGACCATGCTCCTTAATGAAGCATCACCAATTCATGA	Mmus	NM_008921	i07	11 2 1 OK
1100.054	ATTGGGAGAAATATCCTTTTTATCTG······GTTGGCACGCGTTGTCTTTAACTTCAGCACTTGATGATAT	Hsap	NM_001537	i02	11 1 1 OK
	ATCGGAAGGAATATCCTTTTGATTTG······GCTGCCGTGCGGGCTCTTTAACTGTGCCACTAGATGACAT	Mmus	NM_024219	i02	11 1 1 OK
1100.055	CGTGATGGATGTATCCTTGGGGGCAG······CTGTCACTCTTCTTAACACCCTCCCACCAGAGCGACACCA	Hsap	NM_001749	i06	11 1 1 OK
	CGTCATGGATGTATCCTTTTGGGGCC······GTCACTTGGTTCTTAACAACCTCTTGTTAGAGCGACACCA	Mmus	NM_009795	i06	11 1 1 OK
1100.057	AGAACAGCTGATATCCTCCTGGCCGT······GGCATCAGCCATTCTCCTTAACCCTCACACTTTGGCCTAC	Hsap	NM_001950	i03	11 1 0 OK
	AGAACAGCTGATATCCTCTGCCAGTC······AGGCTCAGGTGTTCTCCTTAACCCCCACAGCTTGGCCTAC	Mmus	NM_148952	i03	11 1 0 OK
1100.058	TTAATAATAGATATCCTTTTAAATAA······AATGTCGTTCCTTAACTCCTATGACAGTACATTTTCCTAT	Hsap	NM_001951	i03	11 2 0 OK
	TTAATAACAGATATCCTTCTGAGTAA······AATGTTGTTCCTTAACTCTTATGATAGTACATTTTCTTAT	Mmus	NM_007892	i03	11 2 0 OK
1100.059	AAAATGAAAGATATCCTTTAAGTCTA······TCTGTGTAGAGATCCTTGACTGAGTTTTACACTAGGATAT	Hsap	NM_001952	i04	11 1 0 OK
	AAAATGAAAGATATCCTTCCATCAGT······CATCTTGTCAGATCCTTGACCAGGTCTCACACTAGGGTAT	Mmus	NM_033270	i04	11 1 0 OK
1100.061	AACACTAAACATATCCTTTCTGGAAG······TAAATGGTGTTGGCCTTAACAACTTGCCACTTGATGACAT	Hsap	NM_002381	i07	11 1 1 OK
	AACACCAAACATATCCTTTTGGGAAG······GGAATCACTTTGGCCTTAACATCTAGCCACTTGACACAACAT	Mmus	NM_010770	i07	11 2 1 OK
1100.064	GGGAAGTGCAATATCCTTTTATTTTC······ATTGCTTTCCTTAACCAATTGCATCCTACATGCAGGAAG	Hsap	NM_002763	i02	11 2 0 OK
	GAAGCGCAATATCCTTTTATCTTTCC······GTTTGTGCCTTAACCGGTTGCATCCCACATGCAGGAAGG	Mmus	NM_008937	i02	01 2 1 OK?
	AGGAAGCGCAATATCCTTTTATCTTT······TTGTTTGTGCCTTAACCGGTTGCATCCCACATGCAGGAAG	Mmus	NM_008937	i02_fixed	11 2 1 OK
1100.068	CGTGGTGCTGGTATCCTTTGTCGGTT······CTGTCTTTGTGCCTTAACAGTATTGATCAGGTATTGTAAT	Hsap	NM_003457	i01	11 1 1 OK
	CGTGGTGCTGGTATCCTTTGTGGGGT······GTGCAGTTTTTAACCTTAATGATGACCAGGTATTGTAAC	Mmus	NM_011751	i01	11 3 2 OK
1100.070	CGTTTAGAGAATATCCTTTTTTTGGT······TTTTTAAAGTTTTCCTTAGCAGATCTGTACAGACTCACTA	Hsap	NM_003589	i03	11 1 1 OK
	CATTCAGAGAATATCCTTTCTTTGTT······GTGTTTGAAGCTTCCTTAGCAGGTCTGCACAGACTCACTA	Mmus	NM_146207	i03	11 1 1 OK
1100.071	ACCGTTTCTCGTATCCTTTTAATGGC······TAAATATGAAAACCTTAATAATTTAACTAGAGATATCTAT	Hsap	NM_003591	i02	11 1 2 OK
	ACCGCTTCTCGTATCCTTTGATGAAA······TGACTATGAGAACCTTAATAATCTATCTAGAGATATCTAT	Mmus	NM_029402	i02	11 1 2 OK
1100.073	TGGTCTCAAGATATCCTCTGCCCCTT······ACCTCTTGTTGGGGTCCTTGATTGGGCTACGCTCTGGAAC	Hsap	NM_003801	i08	11 1 1 OK
	TGGACTCAAGATATCCTCCACCCTCG······TGGCTTGTCTGGGTCCTTGACTTCCTCTATGCTCTGGAGC	Mmus	NM_010331	i08	11 1 0 OK
1100.076	ACTTGGAATTGTATCCTTTGACCGTG······CCTGCTTTTATTCCTTGACTCCCTGTCCAGGTGGGTATTT	Hsap	NM_004595	i10	11 3 0 OK
	ACTTGGAATTGTATCCTTTGACCATG······ACCTGCCTTGTTCCTTGACTTCCCGTCCAGGTGGGTGTTT	Mmus	NM_009214	i10	11 3 0 OK
1100.079	CTGCTGCACTGTATCCTTAGCGCGGG······TGGAGACATCCTTGACGCCTTGGCCGTCAGTGCTCAGCCT	Hsap	NM_004813	i07	11 2 0 OK
	CTGCTGCACTGTATCCTTAGCTGTGC······TGCAGATATCCTTGACATCTTGACCGTCAGTGCTCAGCCT	Mmus	NM_145122	i07	11 2 2 OK

1100.080	AAATATCTTTATATCCTTTTTATCGA······CATTGCCACCTTAACAATCCTTCCAGCTACGTATCTTAAA AAATATCTTTATATCCTTTTTTGTA······AAGTTGAACCTTAACAATCCTTCCATTTACGTATCTTAAA	Hsap NM_005111 i11 Mmus NM_133679 i11	11 2 1 OK 11 3 1 OK
1100.081	CATTAATGCTGTATCCTTCCTGGACG······CCTTTACGCTTCCTTACTGCCACTACATAGACACTGCAGG CATTAATGCCGTATCCTTCCTGGCTG······TTTCCTTTACACTTCCTTACCGACATTTAGACCCTGCAGG	Hsap NM_005153 i05 Mmus NM_009462 i05	11 2 2 OK 11 2 1 OK
1100.082	TGGAGATGGAATATCCTTTTGCTGAC······TGCTTTCCTTAGCCTATTTCCCTTTTCCACTGACTTTAAT TGGAGATGGAATATCCTTTTATGACT······TTGATTTCCTTAGCTTGTCCTTCTTTCTACTGACTTTGGT	Hsap NM_005219 i10 Mmus NM_007858 i10	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1100.083	AAAAATGACCATATCCTCTCTTGAAA······TGGTCTTGGTCCTTTACTCCTTGGCTGCACAGCTTTGTGA GAAGATGACCATATCCTTTCTTGGAG······TGGTCTTGGTCCTTTACTCCCTGGCTGCACAGCTTTGTGA	Hsap NM_005219 i23 Mmus NM_007858 i23	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.084	ACAGCCAGCGATATCCTTGGATTGGC······AAAGGTCATGTGGTCCTTGACTCTGCCAACCCTGGCCTAC ACACCCAGCGATATCCTTGGATTGGT······TGTGAGTCAGTGGTCCTTGACTCCCCCAACCCTGGCCTAT	Hsap NM_005225 i04 Mmus NM_007891 i04	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.085	CACGCCAGAAATATCCTTTTGGATGT······CATCCGTTGTTTCCATAACCCCCCTCACCGTGCATACT CATGCCAGGAATATCCTTTTGGCCTG······CAAGCCCTTGTCTTCCTTGACTCCTCCCACCGTGTATTCT	Hsap NM_005338 i02 Mmus NM_146001 i02	11 1 1 OK 11 3 0 OK
1100.086	GTGGAAACAGGTATCCTCAGAGCCTC······TTTTACTTTGTCTCTGTCCCCAACCCCCAGGTGTGGAGCT GCAGAAACAGGTACCATCAGAACTGC······ACTTCACTCAGCTTGTTTCCCCCCTTACAGAGAAAGCATC	Hsap NM_005441 i10 Mmus NM_028083 i10	11 1 2 OK 00 0 0 NOK
1100.087	GACAGGCTGCGTATCCTTTCTTGCGA······TCGTGCACTGATCCTTAGTGAGAGGCCCAGATTTCCAAGA GACAAGCTGTGTATCCTTTCTCACTT······TCTACCCCAGTCCTTAATCAGGGGCTCAGATTTCCAGGA	Hsap NM_005679 i07 Mmus NM_021441 i07	11 1 2 OK 11 1 1 OK
1100.088	GAGGAATGGCGTATCCTTTCATTTA······CAGAATGACATCCTTAACTCCAGGCTGCAGGTACTCTGTA GAGGAATGGCGTATCCTTTGCATTAA······CATTATAACGTCCTTAACCCTGGGCCACAGGTACTCAGTT	Hsap NM_005772 i05 Mmus NM_021525 i05	11 3 0 OK 11 1 0 OK
1100.089	ACACCCAACCATATCCTTTAAATTGT······CTCCTGCCCTTGGCCTTGACCACCGCATACAGATCGTTTC ACACCTAACCATATCCTTTAAATCAC······TTCTACCCAAAGCCTTAACCATCACATCACAGATTGTTTC	Hsap NM_005787 i07 Mmus NM_145939 i07	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1100.090	CATCCAGCCTGTATCCTTTTCCTGTG······TCCATGCCTCTTCCTTGACAGCTCCTCCAGACTGACACAG CATCCAGCCTGTATCCTTTTTCTATG······CTCAAGCTTCTTCCTTGACATTGCTTCCAGAGGGACACAA	Hsap NM_005879 i14 Mmus NM_011634 i14	11 2 0 OK 11 3 0 OK
1100.092	AGGAGCATTTGTATCCTTTATTATGT······AAATGATCCTTAACCTATTAATAATTTTAGGTTGCTATTT AGGAGCATTCGTATCCTTTATCATGT······AAATGATCCTTAACCTCTTGATGATTTTAGATTGCTATTT	Hsap NM_006359 i10 Mmus NM_172780 i10	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.093	TTGATCATAAGTATCCTTAATTGAGG······AGGACCACAGCTCTTCCTTAACCACCGCAGCTATCTGAAG TCGATCATAAGTATCCTTAAAGATAA······TGCAGCCCTTCCTTAACCCTGTGTGCACAGCTATCTGAAG	Hsap NM_006359 i14 Mmus NM_172780 i14	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1100.094	TGGCAAATCTGTATCCTTTTCTGAGT······CTGGGTTGAAATCTTTAATGCTCCCCCAAGAGGCTTGCTG TGGCAAACTTGTATCCTCTCAGTATT······CTGGGTTGAAGTCCTTAATGACCCTATCAGAGGACTGCTG	Hsap NM_006413 i10 Mmus NM_019428 i09	11 2 2 OK 11 2 1 OK
1100.095	GTTGGCTGTTGTATCCTTTACAATAA······TTGTAGTATTTACCTAACTCTGGCTTACAGATTCCCAAGC GTGGGCTGTCGTATCCTTTGCCTCAG······AAAGTATTTGCACTTAACTGGGGCTTACAGATTCCCAAGC	Hsap NM_006571 i04 Mmus NM_011722 i04	11 1 2 OK 11 1 2 OK
1100.096	TCTTTCATCTGTATCCTTGGAGGGGT······GGACCTGCCTTTCCTTGACGAGGGCTGTGGATCTCTCCTG TCTTTCATTTGTATCCTTTCCTTAAA······AGGACTGTCTGTTCCTTGATTTCAACTCAGATCTTTCCTG	Hsap NM_006598 i10 Mmus NM_011390 i10	11 1 0 OK 11 1 1 OK
1100.098	ATTGAAGAAGATATCCTTTGTGTGTA······TTTGCCTTTTTTCCTTAACGGCCTGGTACCTATATATCA ATTGAGGAAGATATCCTTTGTGTGCA······CTTATTCTTTTTTCCTTAATGGCCAAGTACCTATATATCA	Hsap NM_006756 i06 Mmus NM_011541 i06	11 1 0 OK 11 2 1 OK
1100.099	CTGGTACTGAGTATCCTTTTAAGATA······TGTCTACGGCTTCCTTGACAACTACTGCAGATGCCGCTAT CTAGTACTGAGTATCCTTTAAATACC······AGACCCTAACGGTGTTATTTCTTTTCTAGTCATTTGCCT	Hsap NM_006765 i07 Mmus NM_030254 i07	11 1 0 OK 10 1 0 NOK
1100.100	AGGACTCGCTGCATCCTCACTCCCCA······CCTTTAGTCAGCTCCTTAACCAGGCCCCAGCTACTTGTTT AGGACTCGCTGCATCCTTTTACATGT······TGACTTGGCAGCTCCTTAACTTTTATCCAGCTACCTGTTT	Hsap NM_006767 i18 Mmus NM_025808 i18	11 4 0 OK 11 2 0 OK
1100.103	ACCCCACAGTGTATCCTTTTCAAGGT······CATTTTTCCATAACATTAAATTTCTTACAGGAACTACATA ACCCCACAGTGTATCCTTTAGAAAGT······ATTTTTTTCCTTAACATTAAATCTTACAGAAACTACATT	Hsap NM_007107 i04 Mmus NM_026155 i04	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1100.104	CAACAAGACTGTATCCTTTCTGCTCA······ATTCCTATTCTCACCTTGACCTACAACCCAGACAATGCTTC TAACAAGACTGTATCCTTTGTGCTTC······ACCCCTGTTGTCACCTTGACCTGTCGCCAGACAATGCTTC	Hsap NM_007234 i06 Mmus NM_016890 i06	11 2 1 OK 11 1 1 OK
1100.105	TAATGAAACAGTATCCTTTTCCATCT······AGCGATTTCAGTCCTCAACTTGGTGTCTAGATATGGACTT TCATGAAGCAGTATCCTTTTCCTCAT······CGCAATTTAAATCCGTAACTGAATGTTCAGATATGGACTT	Hsap NM_007266 i03 Mmus NM_133756 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.106	TGACCTTACTGTATCCTTTTGAGTAC······TATCCCTCTTCCTTAACCCATTTATGTGAGGTTCCCTTTG TGACCTTACTGTATCCTTCAGAATGC······TATCTTTCTTCCTCAACCTCTTTATGTAAGGTCCCTTTTG	Hsap NM_012208 i04 Mmus NM_080636 i04	11 2 0 OK 11 1 1 OK
1100.107	GACTTTGTCAGTATCCTTTTAAAAGG······TGTATTTATTTTCTTAACACCAAATTTCAGATATGGTACT GACTTTGTCAGTATCCTTTTTAAAAG······CCTTATTTATTTTCTTAACATTAAATTCAGATATGGTGTT	Hsap NM_012322 i02 Mmus NM_025520 i02	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.108	GTGCTTTGGAGTATCCTTTCAAGTCA······TAAGAAGTAAGTTCTTAACATTGATAATAGTTTTTTAAAG GTGCTCTGGAGTATCCTTTTCATCTC······TTCTGAGTACATTCTTAACACTGATGTTAGTTTTTTAAAG	Hsap NM_012333 i03 Mmus NM_019660 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.110	CCAGGCACATGTATCCTTCCAGCACT······CCAGTTTTCCTTAATGCTTCCTCCTCCCAGCAAGAAGAAC CCAGGCACATGTATCCTTGCAGCATG······ATTGTTTTCCTTAATGCATCATGATGCCAGCAAGAAGAGC	Hsap NM_013234 i03 Mmus NM_028659 i03	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1100.112	CTCCAGACTCATATCCTCTCAGGCCC······TGTCTGGCTTCCTTGACTCCTGGCGGGCACAGCTGGCTGT CTCCAGACTCATATCCTGTGTTCTTG······TGTCCTGGCTTCCTTGACTATGGAGCCACAGCTGGCGGT	Hsap NM_014203 i19 Mmus NM_007458 i19	11 3 0 OK 01 3 0 OK
1100.113	TCACAAATCTGTATCCTTTCAGTAAA······TGAATTGTTAGACTTCATTAAACTGTACAGATCCTGTAGT TCACAAATTTGTATCCTTTGATTGAA······GTGAATTATTAAACTTAATTGACTGTACAGATCCTGTAGT	Hsap NM_014607 i04 Mmus NM_026390 i03	11 1 2 OK 11 2 2 OK
1100.115	ACCCCAGGTTGTATCCTTTTACCTGG······GACTGCAGTTTTCCTTCACCTTGTGGCCAGACCTCTCTTC ACCCCAAGGTGTATCCTTTTAGCTGG······CCGTCCAGTTTTCCTTCACTTTGTGACCAGACAGCTTTTC	Hsap NM_014956 i26 Mmus NM_172531 i11	11 2 1 OK 11 1 1 OK

1100.117	AAGGAAACACGTATCCTTTCAGTGTT······TAGTTTGTTTCTTTAACCATTTTTATTCAGAGGCTCCAGC	Hsap NM_014970 i16	11 2 1 OK
	AAGGAAACACGTATCCTTTCAATGTT······CATTTTGCATCTTTAACCACTTATATTCAGAAGCTCCAGC	Mmus NM_010629 i16	11 2 1 OK
1100.118	GCAGTGCCTCGTATCCTTCTAATTAA······TGTCAGTGTCCTTAACTAGTTTTCCCATAGATTCAGCCAT	Hsap NM_014982 i23	11 1 0 OK
	GCAGTGCCCCGTATCCTTCACTACAG······GGTGTTTGTTCCTTAACTGTTTCCGCATAGACTCGGCCAT	Mmus NM_018814 i17	11 2 0 OK
1100.120	CTGGTTTCTGGTATCCTTTCACCCAA······TCCACTAGGCTTCCTTGACCCCCACCACAGGCCCATACAT	Hsap NM_015399 i07	11 2 0 OK
	CTCGTTTCTGGTATCCTTCCACTCAA······AGCCGCCCTGCTTCCTTGACCCTTGTGTAGGTCCATACAT	Mmus NM_134155 i07	11 2 0 OK
1100.121	AAACTTTTCTGTATCCTTGAATATCT······TTTGTTTTCTACCTTAAATTGATTTTCCAGTTTGACTGTG	Hsap NM_015412 i04	11 1 2 OK
	AGGCATTTCTGTATCCTTGACTACAG······TTATTTTTTCCACCTTAACATATTCCTCAGGTTGACTGTG	Mmus NM_145972 i04	11 1 1 OK
1100.122	CCCACATTCTGTATCCTTTGGCAGAG······TGCCTAACTGTCCTTAACAGCTTTTTCCAGGCTATGCCTC	Hsap NM_015604 i08	11 3 0 OK
	CCCACATACTGTATCCTTCGGCAGGC······CCTGACTGTCCTTAACAGATTTTTTTCCAGGCTGTGCCTC	Mmus NM_030246 i07	11 3 0 OK
1100.123	AAGTTACTCAGTATCCTTTTTAGAGC······ATGTCCTTGATCATCACTTTTCCACCTTGGATGACCCTCT	Hsap NM_015631 i08	11 1 1 OK
	AAGTCACTCGGTATCCTTTTGGGGGC······GTCGCCTTGACCATCACTCTTGCATCTCAGATGACCCTGT	Mmus NM_026260 i10	11 1 1 OK
1100.125	GGCCAAAGTGGTATCCTTTATTCCCA······CATTTTCCTTCACCGGTGTTATGTGACTAGATCTCCTTAG	Hsap NM_016046 i06	11 1 1 OK
	GGCCAAAGTTGTATCCTTTTGTAGTG······TCATTTCCCTTCACTGTGCGGTGTGACTAGATCTCCCTAG	Mmus NM_025644 i06	11 1 2 OK
1100.126	TACAGAAACTGTATCCTTTTTTACAA······TACTTTTCACACTCCTTAACAGGACTCTAGTATGGGATTC	Hsap NM_016100 i02	11 3 0 OK
	TACAGAAACTGTATCCTTTCTGAGAA······TTATTATGTCTCATTCCTTAACAGCTCTAGTATGGGATTC	Mmus NM_026425 i02	11 1 0 OK
1100.127	TACATCAACCGTATCCTCAAGCTGGC······AAGAAACACTTTCTTTGATTCAGTTATCAGGAACTGTTGC	Hsap NM_016200 i01	11 3 2 OK
	TACATCAACCGTATCCTCCGGCGGGC······AAGAAATACGTTCCTTGACTCGGTTCTCAGGGACTGTGGC	Mmus NM_133939 i01	11 2 0 OK
1100.128	TTGAAGTTAAATATCCTTCTGAAAAT······TATTCTCAGTATTCCTTAACTGTTCTTCACCTGTTGATGA	Hsap NM_016338 i17	11 1 0 OK
	CTGAAGTTAAATATCCTTCAATTTTT······TGTTTTCAATATTCCTTAACTGCTTTTACCTGTTGATGA	Mmus NM_029665 i17	11 1 0 OK
1100.129	AACATTTTCTATATCCTTTTTTAGTT······TTGCTGTGTTGTTTTTCTTAACATGGATACTCTTTGAAAT	Hsap NM_016478 i03	11 1 1 OK
	AACCTTTTCTATATCCTTTTCAGTTG······TATATACATGGTTTTCCTTAACCTGAGTACTCTTTGAAGT	Mmus NM_172735 i02	11 1 0 OK
1100.131	TTGGCCCTGAGTATCCTTTGGTGGCC······CTGCATGTTTGCCCCTGACGCTGCTCTCAGATCCGTTCGA	Hsap NM_017751 i06	11 3 2 OK
	CTGGCCCTCAGTATCCTTTGCTGACC······TCTCTATTTGCCCCTTGACACTCTGATCAGATCCATTTGA	Mmus NM_029945 i06	11 1 1 OK
1100.134	ATTTCTCTTCGTATCCTTGCCAGCTT······TGCTATCAGCCTTGACGCACCCTTCCTCAGCACACTGGGC	Hsap NM_018066 i04	11 1 1 OK
	ACTTCTCCTCGTATCCTTAGGGACCA······TGCCGTGTCTAAGCCTTAACCTCCCCTCAGCACTCTGGGC	Mmus NM_133884 i04	11 1 1 OK
1100.135	GAGGACACAGATATCCTTTGCAAGGT······TTACTCTTCTTTTCCTTAACTATGGTTTACAGAAACTCAT	Hsap NM_018117 i28	11 1 0 OK
	GAGGACACAGATATCCTTTGAAGGAC······GTGCTCTTCAGTTCCTTAACTGGGGTTTACAGAAGCTCAT	Mmus NM_172255 i28	11 1 0 OK
1100.139	GTCATCCCCAGTATCCTTTTTCACAT······GTAGTTTCCTTAACTGTTTACTTCTTTCAGTGATTGTCTG	Hsap NM_018370 i02	11 2 0 OK
	GTCGTCCCCAGTATCCTTTTCCTTTT······TCCTTAACGTGCTCCTCTTTTATTTAAAAGTGATTGCCTG	Mmus NM_027878 i04	11 1 0 OK
1100.140	TCTTGAATATGTATCCTTTGTTGCAT······CCTTGGAACCTTAACTCATCTGACTCTTAGAAAAATGCCC	Hsap NM_018718 i08	11 2 1 OK
	TCTTGAGTACGTATCCTTTGATGTAT······CTGTGGTTGGAACCTTAACTCACCTCACAGAAGAACGCCC	Mmus NM_031998 i08	11 2 1 OK
1100.141	TTCCAAGATTGTATCCTTTTTTTTTT······AACATCTTCCTTAACAGGATGTTTTTGTAGTTACGTGGAG	Hsap NM_020314 i10	11 1 0 OK
	TTCCAAGATTGTATCCTTTCCTCATC······CGGGTCTTCCTTAACAGAATGTTTCTGTAGTTATGTGGAA	Mmus NM_027815 i10	11 1 0 OK
1100.142	TCCTGTTGTTGTATCCTTGTTTTATT······GTTTAATTCCCTTAACTACCTTGTCCCAAGTCATTTCAGA	Hsap NM_020854 i23	11 2 1 OK
	TCCTGTTGTTGTATCCTTGCTGAGCT······TCCCCCTTTTCTTAACTATCTTTCCTCAGTCATTTCAGA	Mmus NM_173187 i26	11 2 1 OK
1100.144	CCTCCAAATTATATCCTTTTAACAAA······TTATTGTTGTTGACCTTGACACCAAATAACTGGGCAGACA	Hsap NM_022459 i05	11 2 1 OK
	CCTCCAAATTATATCCTTTTAACAGC······TTATTGTTGTTGACCTTGACACTAGATAACTGGGCAGACA	Mmus NM_020506 i06	11 2 1 OK
1100.145	GAATGACATCATATCCTTTAAATGAA······TCTAGTTTGTTCTTTGACCTTCATGATCAGAATGAGTTCG	Hsap NM_022459 i19	11 1 1 OK
	GGATGACATCGTATCCTTTAAATGAA······TATAGTTCGATCTTTGACCATTGTGTTCAGAATGAGTTCA	Mmus NM_020506 i20	11 2 1 OK
1100.146	TTTGAAGATCGTATCCTTCTTGCAGT······GGTTGGATTATATTCTTGACCTGTAACTAGTTCTTTCCCC	Hsap NM_022490 i07	11 1 1 OK
	TTTGAAGACAGTATCCTTGCTGATGA······TGGTCAGTCGTGTTCTTGACCCACAACCAGTTCTGTCCCC	Mmus NM_022811 i07	11 2 1 OK
1100.147	AGAGCATCCAGTATCCTTGGAGGGCT······GGTGCTCTTAGGAGCCTTAACCAAGCTCAGGTTTGTGCTG	Hsap NM_022575 i09	11 1 1 OK
	AAAGCATCCAGTATCCTTGGACACAT······GATGCTCTTAGTAGCCTTGACTGAACTCAGGTTTGTGCTC	Mmus NM_030559 i09	11 1 1 OK
1100.148	TTGCATCGTGGTATCCTTCAGTCTGT······TATGTCTGATCTTTAACTTTACAAACCAAGATTACTGGCT	Hsap NM_024295 i03	11 2 1 OK
	CTGCATCGTTGTATCCTTCAGGGCTG······TGCATATGATCCTTGACTTTACAAACCAAGATTACTGGCT	Mmus NM_024207 i02	11 1 0 OK
1100.149	TACCTGGAACGTATCCTTCCCGTGGA······TTTGAGATTAAAACTTGACAAGATATTCAGAGGTCACCAT	Hsap NM_024532 i01	11 1 2 OK
	TACCTGGAGCGTATCCTTCTGGTGGC······TTTTGCATTTAAACTTGACAAAATGCTTAGAGGTCACCAT	Mmus NM_029160 i01	11 1 2 OK
1100.151	GTCCTGCAAGATATCCTTTGTGATGA······ACTTCCGCTTGCCTCCTTGACTCGCATCACCGTCCTGGAG	Hsap NM_024630 i05	11 3 0 OK
	GTCCAGCGAGATATCCTTTCCGGTGG······TCCTTCTGTTGGTCTCCTTGACTTACCCACTGTGCTAGAG	Mmus NM_146073 i05	11 1 0 OK
1100.152	CTTGTGAACTGTATCCTCCTCTGGGT······TTTGTTTTGGTTTCTTAACTCCAGACCCAGGTACTATGTT	Hsap NM_024662 i14	11 1 1 OK
	CCTGTGAGCTGTATCCTCCATCTCAC······GTCTATTTTCGTGGCTTAACTCCAGGCCAGCTACTATGTT	Mmus NM_153126 i14	11 1 2 OK
1100.153	AGACCCTACAGTATCCTTCCAACCAA······CTTTCTCTTCCTTGACTCAGATTGTCTAAGCTACTTAACC	Hsap NM_024749 i03	11 2 0 OK
	AGACTCTACAGTATCCTTCCAGCCAG······CCGTCTTTTCCTTTACATGTTTCGCACAGATACAACCAC	Mmus NM_144879 i03	11 2 1 OK
1100.154	GAATGGACTTGTATCCTTTACATATA······AATTTTATTTCTTAACTAAAAATATTAAAGCCATTAAGGG	Hsap NM_024788 i03	11 1 1 OK
	GAATGGATTTGTATCCTTTATATATG······TAACTTTATTTCCTAACAAAAATATTAAAGCCTCTAAGAG	Mmus NM_172447 i03	11 1 2 OK
1100.155	CTGGAGATCTGTATCCTTTGGGGTTG······ATGCCAGCCCCTTAACTTAATTCTGCCCAGACAAGAAGAT	Hsap NM_024821 i02	11 1 1 OK
	CTCAAGATTTGTATCTCTTCGGGGCT······GTGCTAGCCCCTTAACTTACAGCTGCTAAGACAAGAAGAT	Mmus NM_172428 i02	01 1 1 OK

1100.156	CTCCTGATGGATATCCTTTGGAAGTC······TTTCATTATTTTCCTTAACTGCTGTCCACCTTTGAAATT	Hsap	NM_024831	i11	11 1 0 OK
	CTCCTGATGGATATCCTTTGGAAGTC······TTTAACTTCTTACCCTTAACTGTTCTTCACCTTTGAAATT	Mmus	NM_054089	i11	11 2 1 OK
1100.158	GTAAGTACCCGTATCCTTTATACAAA······GTGTTTTCCTTGACTACCCACTCCTTTCAGGTTGGGAAGT	Hsap	NM_024885	i07	11 1 0 OK
	GTCAGTGTCCGTATCCTTTATAGCAA······CTTCATTTTCCTTGACTACTATCGTCTCAGGCTGGGAAGT	Mmus	NM_028958	i08	11 1 0 OK
1100.159	AGAGCTGGCCGTATCCTTCCTTGATG······CCCGTTGTTTCCTTTACTGGACACGACCAGATGGCCTTCA	Hsap	NM_024911	i08	11 4 2 OK
	AGAACTGGCTGTATCCTTACTCAATT······CTTAACCTTTCCTTCACTGTACACTTTCAGATGGCTTTCA	Mmus	NM_026582	i08	11 2 1 OK
1100.161	AACAATATATGTATCCTTTTGAAGCA······CTGTTTTCCTGAACTTCTTTTTCATCCCAGAAGGAGAATG	Hsap	NM_025139	i06	11 2 1 OK
	AACCATATATGTATCCTTTATGAAGT······GCCATTTTCCTGAGCTGACTCCTTACCTAGAAGGAGAATG	Mmus	NM_030184	i06	11 2 2 OK
1100.162	ACGCTGAACCATATCCTTTGGGGCTG······CGAACCCCAACGGCCTCCTTAACCGCTCACTGGCCCAGCT	Hsap	NM_030592	i06	11 1 0 OK
	ACGCAGAACCATATCCTTTGGGGCTG······TCTGAGACCACATCTTCCTTAACCGCTCACTGGCTCGGCT	Mmus	NM_013592	i10	11 1 0 OK
1100.164	CTGAACTTGAATATCCTTTTGTTCTG······ATAAATCCATATATTCCTTAATCAACTCACTGAAGCATAT	Hsap	NM_030932	i05	11 1 1 OK
	CTGAACTTGAATATCCTTTTGCACTG······ATAAATTCATATTGTCCTTAATCAGCTCACTGAAGCATCT	Mmus	NM_019670	i11	11 1 1 OK
1100.165	AAAGATGTCCATATCCTTTTGATAGC······AAATTTCAGAATACCTTAACTATAGTATACAGATTTGTTA	Hsap	NM_030932	i17	11 1 1 OK
	AAAGATGTCCATATCCTTTTGATATC······AATTTCAAAAGTCCTTAACGTGGTATATACAGCTTCGTTA	Mmus	NM_019670	i23	11 1 0 OK
1100.166	TCCTGCGGCAATATCCTTCCCTGACG······CCTAGCTATCCTTAACTGGTGGTGATGCACAGGGGACATG	Hsap	NM_030978	i01	11 3 0 OK
	TCCTGCGGCAATATCCTTCCCGGCGC······CCTAGCCATCCTTAACTGGCTTTGATGCACAGGGGACATG	Mmus	NM_028809	i01	11 3 0 OK
1100.167	TCCAAAGCCTATATCCTTTCTGTGAT······CCCGGGCCTTTGCTTAACTCGGGGCTGCACGATGGCTCAG	Hsap	NM_031294	i11	11 1 1 OK
	TCCAAAGTCTATATCCTTTCTGTGAC······CGGCCCCCTGGCTTTAACTCACAACTGCAGGATTGCTCAG	Mmus	NM_029044	i11	11 1 2 OK
1100.168	CATCAGTCTTGTATCCTTCTACCATA······TAAGACAGACCCCTTAACAAGTCCTCACAGGGACGAGACG	Hsap	NM_032204	i12	11 1 1 OK
	CATCAGCCTTGTATCCTACTACAGCT······GCACAAGAACCCTTAACTCCTACCTCTTAGGGATGAGACC	Mmus	NM_029291	i12	01 2 1 OK
1100.170	GTTGTTTCAGATATCCTTTTCCAAAT······TTACAGCTAAATTGACCTTGACTATTCAACGTCCATATAT	Hsap	NM_032352	i06	11 1 1 OK
	GTTGTCTCAGATATCCTTTCCGCACT······CTTGCTGCAAGTTGACCTTGACGCCTCAACGTCCATATAT	Mmus	NM_027867	i05	11 1 1 OK
1100.171	AAGCTACAGCGTATCCTCCCTCAGGC······GTGTATGCCGTTCCCTTAACCTTAAACCAGGAAAGCTTCC	Hsap	NM_032353	i02	11 2 2 OK
	AAGCTACAGCGTATCCTCCCTCAGGC······ATGTAGGCCATTCCCTTAACCTTAAGCCAGGGAAACTTCC	Mmus	NM_026776	i02	11 3 2 OK
1100.172	AGCCTCATCTGTATCCTTTCTGCCTG······AGACTTTCCTTAATCTCGTGCCTTCCCAAGCCATTGGGGC	Hsap	NM_032354	i03	11 1 1 OK
	AGCCTCCTCTGTATCCTTTTTATTTG······ACTTTCCTTGACCCCCTCTGTATTGTTAAGCCATTGCAGC	Mmus	NM_028336	i03	11 1 0 OK
1100.173	TCATCACTCAGTATCCTTTGGACTGT······CAGAAAACTACCTTGACTCCACTCCTCCAGGTACGTGTGC	Hsap	NM_032826	i09	11 1 1 OK
	TCGTGACTCAGTATCCTTTAGTCCTC······TACAGAGAACAGCCTTAACCACTCCTCCAGATATGTGTGC	Mmus	NM_021435	i09	11 2 1 OK
1100.174	ATGCCCAGGGGTATCCTTTTGGTCTT······GTCCAGCATTACTTCCTGAGCTTGCTCCAGACTGGGCTTC	Hsap	NM_033070	i03	11 1 2 OK
	ACGCCAGAGCGTATCCTTTCAGTTTG······TGTAGCTTTGCTTCCCTGATCTTGCTGCAGACTAGGCTTC	Mmus	NM_144815	i03	11 1 2 OK
1100.175	CAGCCAAGTTGTATCCTCCAAGGGTT······GGTTGCTGCCTTGACCCTGGACCCCCTCAGCGACGAAGCG	Hsap	NM_138338	i05	11 2 2 OK
	CTGCCAAGTTGTATCCTCTCAAGTAT······CACGATTGTGGCCTTGACGCTGGACCCCAGTGATGAAGCG	Mmus	NM_030229	i04	11 2 1 OK
1100.176	CCAAACAGGAGTATCCTTACCAAGAA······ATCACATTTATCCTTAACTAACTACTGCAGTACAAAATAC	Hsap	NM_139126	i11	11 1 0 OK
	CCAAACAGGAGTATCCTTTATAAGAA······ATTCAGTTTGTCCTTAATGCAGTGCTTCAGTGCAAAATAT	Mmus	NM_026141	i11	11 3 1 OK
1100.177	ATGAAGAGGAATATCCTTTCTGGAGT······TTCCATCTGACTTTCCTTAACATCACTTACTGAAGCAGAT	Hsap	NM_144609	i03	11 1 0 OK
	ACGAAGAGGAATATCCTTTTGGAGG······TCCCACCTGGTTTTCCTTAACGTCCCTCACTGAAGCAGAT	Mmus	NM_025918	i03	11 1 0 OK
1100.178	TCTGACAAACGTATCCTTCTGGGTCC······CTGTACCCTAATCCCTTAACTCACCTGTAGTTCTGTTCCG	Hsap	NM_144609	i04	11 1 1 OK
	TCTGACAGAAGTATCCTTCTCTTTGT······TTGGGCCTGAATCCCTTAACTCACTGGTAGCCTTGTTCCG	Mmus	NM_025918	i04	11 1 1 OK
1100.180	ACATCGCTGTGTATCCTTTCTGAATC······CCACTGCTGTGTCCCTTAGCACTTGGTAAGATTGGTGTCT	Hsap	NM_152391	i03	11 1 2 OK
	ACATGGCCGTGTATCCTTCCTGCATA······TCACTGCTAGGTCCCTTAGCATCTGACCAGATTTGTGTCT	Mmus	NM_172574	i03	11 1 2 OK
1100.181	GAGGAGGACTGTATCCTTTTCTTAAT······ATTTCTATTTTCCTTAAATGTTCTATTCAGATGAGAAAGC	Hsap	NM_152609	i04	11 1 1 OK
	GAAGAGGACTGTATCCTTTCTACCTC······TTTCTATTTTCCTCAAGATTTTCTGTTCAGATGAGAAAGC	Mmus	NM_146105	i04	11 1 2 OK
1100.185	CTCGCTCACTGTATCCTCCCTGCAGT······CACACCCTACTCCTTAACTCCCTCAACCAGGCCTTCAATA	Hsap	NM_173852	i02	11 2 0 OK
	CTCCCTGACTGTATCTTCCTCGCGCT······CGTGAGTTTCTCCTTAATTACATCACCCAGGCCTTCAATA	Mmus	NM_025327	i02	01 1 1 OK
1101.036	CAGTACAGATATCCTTTCCTTCCTGA······ATGGCTATTTCTTTAACCCGTGCTCCACATATGAGAAATT	Hsap	NM_005312	i15	01 2 1 OK?
	TGCAGTACAGATATCCTTTCCTTCCT······ACATGGCTATTTCTTTAACCCGTGCTCCACATATGAGAAA	Hsap	NM_005312	i15_fixed	11 2 1 OK
	TGCAGTACCGATATCCTTCCCCGCCG······CCTGCCTGTGAACCTTAACCCACACTTCACGTACGAGAAG	Mmus	NM_054050	i15	11 1 1 OK
1101.044	CTGGCTGTTGGTATCCTTAACGCCGC······CGGAGTTTTTTCCATTAACAATTCTCCCAGATATTAGCAT	Hsap	NM_000123	i01	11 1 2 OK
	CTGGCCGTGGGTATCCTTCAAGGCGG······CCAACTGTTTTCCTTTACTGGTTCCCCCAGATATTAGCAT	Mmus	NM_011729	i01	11 1 1 OK
1101.051	GTCTTAACGTGTATCCTTGTGGCCTA······TGTTTTTGGATCTTAACTTGAACACTTCAGCTCACAATTG	Hsap	NM_001240	i01	11 1 2 OK
	GTCTGAACGTGTATCCTTTCGGCCTA······TGCTTCTGAACCTTAACTCGAGCACTTCAGCTCACAACTG	Mmus	NM_009833	i01	11 2 1 OK
1101.052	GTACAGACATGTATCCTTTTCACGGT······GAACAAGTTTCCTTAACCCAGTTTCCGCAGCGGTGGAGGA	Hsap	NM_001286	i05	11 1 0 OK
	GTTCAAACGTGTATCCTTTCTACGGC······GAGCCCTTTTCCTTGACTCAGCCTCTGCAGCGGTGGAGGA	Mmus	NM_011929	i05	11 1 0 OK
1101.053	CACGAATACAGTATCCTTCCCTGAAA······CACAGGTTGCCCTTAATCGGAGCCCCTCAGAGATCTTCAA	Hsap	NM_001388	i07	11 1 2 OK
	CATGAATACAGTATCCTTCCAGGAAG······CACAGCTTGCCCTTAATCTGAGCTACTCAGAGATCTTCAA	Mmus	NM_021354	i07	11 3 2 OK
1101.056	AGCACTCCTTATATCCTTCCCAGAGC······AAGCACGTGTTCCTTAACTCACCCATCCACCTGGAGATCC	Hsap	NM_001923	i25	11 1 0 OK
	AGCACTCCTTATATCCTTTCTTTCCA······GCAGATATGTTCTTTAACTCACCTGTCCACCTGGAGATCC	Mmus	NM_015735	i25	11 1 1 OK
1101.060	CTGATGCCAAGTATCCTTTTTTCCCC······TTATCAAATGTACCTTGACTTCTTCAACAGAATTCCACCA	Hsap	NM_002013	i07	11 3 1 OK
	CCGATGCCAAGTATCCTTTCCCTTTA······TTTCAAATTTTCCTTGACCTTTTCCCACAGAATTCCACCA	Mmus	NM_013902	i06	11 1 0 OK

1101.062	GGAAGGGACTGTATCCTTGTGCTGCT······GGAGTATTTTTCTTAGCTACTTGATATTAGATATTGATCA	Hsap NM_002750 i06	11 2 2 OK
	GGAAGGGACTGTATCCTTGTGCTGCT······GGAGTATTTTTCTTAGCTACTTGATAATAGATATTGATCA	Mmus NM_016700 i07	11 2 2 OK
1101.063	GGAAGGGACTGTATCCTTGTACCTTT······TCTTTTTTCCCTTAACTGTTCAATTCTCAGATATTGACCA	Hsap NM_002753 i09	11 1 1 OK
	GGAAGGGACTGTATCCTTGTACCTTT······TCTTTTTTCCCTTAACTATTTCCTTCCCAGATATTGACCA	Mmus NM_009158 i07	11 3 1 OK
1101.065	AGAGAAGATAGTATCCTTTTTATTTC······CCATTTATGGCTTCTTAACTTTTGTTTCAGTGATTGACAT	Hsap NM_002869 i07	11 1 1 OK
	AGAGAAGACAGTATCCTTTTTGCTTT······TTGTATACAACTCCTTAACTTTTGTTTCAGTGATTGACAT	Mmus NM_024287 i07	11 1 0 OK
1101.066	GTCCCTGATAGTATCCTTCATGTGAA······ACAAGGATGCAAACTTAACTCAGCACACAGATTATGGCGA	Hsap NM_002911 i08	11 1 2 OK
	GTTCCTGATAGTATCCTTTGTCATAT······AACAGGAAACTGACTTAACTCAGTTGCCAGATTATGGTGA	Mmus NM_030680 i09	11 1 2 OK
1101.067	GGATTGCCCCGTATCCTCTTGGCACT······TCTCTTTCCGTTCCTTAACTCTTGAGCCAGTGCTAGCAAT	Hsap NM_003145 i03	11 1 0 OK
	GGATTGCCCCGTATCCTTTTTTTTAA······TCTCTTCTTCATCCTTAACCCTTGGGCCAGCGCTAGCAAT	Mmus NM_025448 i02	11 1 0 OK
1101.069	TTGAGTATGAGTATCCTTGTGGCCCA······TGCTTGCATGCTCCTTGACTGCAGGCCCAGCCTCCGCCTG	Hsap NM_003504 i10	11 1 0 OK
	TCGAGTATGAGTATCTTTGCAGCTCA······ACCACATGTATTCCTTGACCTTGGACCTAGCCTCTGCCTG	Mmus NM_009862 i11	01 1 0 OK
1101.072	GACGCTGACTGTATCCTTATTTTGGG······ACTTCGTCATATTTCTTAACAACTCTTCAGGGGACACCAA	Hsap NM_003757 i03	11 1 1 OK
	GATGCTGACTGTATCCTTTTGGCCAT······CCTAGTCATGTTTCTTAACACCTTCCCCAGGGGACACCAA	Mmus NM_018799 i03	11 1 1 OK
1101.074	TTTTGACAGCGTATCCTTGAAAGAGT······TACTTTCTTTTCCTTAATGTTTTAAACTAGATTTGCTAAT	Hsap NM_004301 i05	11 3 1 OK
	TTTTGACGGCGTATCCTTAAACTATA······TACTTCATTTTCCTTAATGCTTTAAACCAGATTTGCTAAT	Mmus NM_019673 i05	11 2 1 OK
1101.075	TATGGTAGAGATATCCTTTGTTGTAT······TACCCAAATTCTCCTTAACCTGTTGCGGACATTGACCAAA	Hsap NM_004595 i06	11 3 0 OK
	TGGTAGAGATATCCTTTACTGTATAA······CTCAAATTTTCCTTAAACTGTTTCGGACATTGACCAAATG	Mmus NM_009214 i06	01 2 1 OK?
	TATGGTAGAGATATCCTTTACTGTAT······CACTCAAATTTTCCTTAAACTGTTTCGGACATTGACCAAA	Mmus NM_009214 i06_fixed	11 2 1 OK
1101.077	TATCTTCTGTGTATCCTTTCCTGCCT······TCATGTTTTCTTTAACAACATATACTTTAGATGGAGAGAA	Hsap NM_004632 i05	11 1 1 OK
	TATCTTCTTTGTATCCTTTTATGAGA······AGCTGATGTTTTCTTTAACATATACTTCAGATGGGGAGAA	Mmus NM_022994 i05	01 1 1 OK
1101.078	GGAAGTGGTCATATCCTTCCTGGTAG······CTGGGTGGCTTTTTCCGTAACTCTGCACACGAAGCTCACG	Hsap NM_004649 i06	11 1 1 OK
	GGGTGTGACCATATCCTTTCTGGTAG······AGTGCTAGATTTTCCCTAACGTCTACTCACGAAGCTCATG	Mmus NM_138601 i06	11 1 1 OK
1101.091	GACAGCTTTAATATCCTTTTGTTATA······AGATCTCATTACTAGCCTTAACAGTCTTACGTGACAAAGT	Hsap NM_006359 i07	11 2 1 OK
	AACAGCTTTAATATCCTTTTGTTGCA······CGATCTTGTTAGCAAGCTTAACAGTCTTACGTGACAAAGT	Mmus NM_172780 i07	11 1 2 OK
1101.097	GACGAGAACTGTATCCTTTCTTGCAG······CAGCTGTGGCCTTAACTCTGTTGACCACAGACATGGAGTT	Hsap NM_006598 i23	11 1 1 OK
	GACGAGAACTGTATCCTTTTCCAATG······AGATTGGTATGGCCTTAACTATCAACCCAGACATGGAGTT	Mmus NM_011390 i23	11 3 1 OK
1101.101	GTTGATCTGAGTATCCTTTTCTTTAA······TTGCTTGATTTCCTTAATGTTTGCCTCCAGACGTCAACAG	Hsap NM_006773 i13	11 3 1 OK
	GTTGATCTGAGTATCCTTTGTGACGT······TTGCTTGGCCTCCTTAACACTTACCTGTAGATGTGAGCAG	Mmus NM_025860 i12	11 3 0 OK
1101.102	TGGTGGCCCAATATCCTTTTATTGTG······GGCTCAATTTCTTCCTTGACTCCTCGGCACCTACCACGCA	Hsap NM_007023 i17	11 3 0 OK
	TTGTGGCCCAATATCCTTTTGTCAAG······AGCTCTGTGGTTTCCTTGACTCCTTGGCACTTACCACGCA	Mmus NM_019688 i16	11 2 0 OK
1101.109	AAATTATCCAGTATCCTTTTAAAACC······ACGGCCAGTTTCCTTAATTAAAGCCTCCAGTGCTCGGTTT	Hsap NM_012381 i19	11 1 1 OK
	AAGTTATTCAGTATCCTTTTAAAACC······ACCCTAATTTTCCTTAGCTAGATCCTCTAGTGCTCGATTT	Mmus NM_015824 i19	11 1 1 OK
1101.111	TACCATTGTTGTATCCTTCCCAGGCT······TAAATAGTTTTCTTAGCTGTGTTCTTTCAGGCTATCATGG	Hsap NM_014060 i04	11 3 2 OK
	TACTATTGTTGTATCCTTCCCAGGGT······TGAGAAATAGTTTTCTTAGCTTGTTTTCAGGCAATCATGG	Mmus NM_026902 i04	11 1 2 OK
1101.114	GGGCAGTCAAGTATCCTTTCTGAAGA······ATGCTAAACAACCTTAACTTGATTTCCAAGAGCTGTTGAT	Hsap NM_014845 i07	11 2 1 OK
	GGGCAGTCCAGTATCCTTTTTATAAG······ATGCTGAAACACTTTAACTTAATTCTTAAGAGCTTTTGAT	Mmus NM_133999 i07	11 1 2 OK
1101.116	AAGAAAGCTGATATCCTTTTAGAGTG······AGTATGGATGATCCTTAACAAGTTGTTTACTTGATGAAGA	Hsap NM_014970 i07	11 1 0 OK
	AAGAAAGCTGATATCCTTTCTGTGCC······TCATGCTTGCAATCCTTAACTTGATTTTACTTGATGAAGA	Mmus NM_010629 i07	11 1 0 OK
1101.119	TTTTGGAATGATATCCTTTGGTTATA······TGCTTCTTTAGATTCCTTAACCTTAGGCACATCTCAACTT	Hsap NM_015336 i10	11 1 0 OK
	CTGGAATGATATCCTTCACTGTGGGA······GCTGTCTCGGATTCCTTAACTTGGACACATCTCAACTTCC	Mmus NM_172554 i10	01 1 0 OK?
	TTCTGGAATGATATCCTTCACTGTGG······CTGCTGTCTCGGATTCCTTAACTTGGACACATCTCAACTT	Mmus NM_172554 i10_fixed	11 1 0 OK
1101.124	CATTTGTCAAGTATCCTTTCTGGTGT······CAGTTGGTTCCTTAACTGATTTTAACCCAGGTACCTGATT	Hsap NM_015884 i10	11 1 0 OK
	CATTTGTCAAGTATCCTTTCTGGTTT······TAGCTAGCTCCTTAACTGATCGTTACCCAGGTACCTGATT	Mmus NM_172307 i10	11 2 0 OK
1101.130	TGCTGAAAAAATATCCTTTTCTGTTT······GCTTTGTTGATTGCCTTAACCTAATTTAACCTACCCCCTG	Hsap NM_017599 i06	11 1 1 OK
	TGCTGAAAAAATATCCTTTTGTCTCC······GTGCTGTTGACGGCCTTAACCTAATTTAACCTACCCCCTG	Mmus NM_172538 i06	11 2 1 OK
1101.132	CGCAAGAAAAGTATCCTTTGCTTTGG······AGATCACGCTCCTTACATCAGTGGACTCAGGCATCAAAGA	Hsap NM_018052 i08	11 1 2 OK
	CGCAAGAAAAGTATCCTTCCCTCTGT······CATAGGGGTGATCCTTACATCACTAGACAGGTATCAAGGA	Mmus NM_146216 i08	11 1 2 OK
1101.133	TCCAGAAGTTGTATCCTTCGTCTCAC······CAGACAGACTTTCCTTGACTGCACACCCAGTGGGGACCTG	Hsap NM_018052 i16	11 1 0 OK
	TCCAGAAGTTGTATCCTCTCATTGTC······TAAGGAGACTTTCCTTGACTGCCCACTCAGTGGGGACCTG	Mmus NM_146216 i16	11 3 0 OK
1101.136	TACGTTACAAGTATCCTTTTTTCTTG······ACATGTGGTTAACCTGAATCTGGCCTGCAGATATTGATAT	Hsap NM_018142 i15	11 1 2 OK
	TATGTTACAAGTATCCTTCGTCTGGA······CCTGTTGGTTGACCTGAATGTGACCTGCAGACATTGATAT	Mmus NM_027590 i15	11 1 2 OK
1101.137	GGAAGCCACAGTATCCTTGGAGCACT······AGGATCCATTGTCCTTGACCACCATGCCAGATACACAGAG	Hsap NM_018150 i09	11 1 0 OK
	GGAAACCACAGTATCCTTGGGGCAAA······TGGGTCTATTGTCCTTGACCACCATGCCAGATACACGGAG	Mmus NM_025739 i09	11 2 0 OK
1101.138	GTCACATACAGTATCCTTTTTTGGCT······GATGGAAAAATCTTCCTATACCCTGTTCAGATTACCCTGT	Hsap NM_018247 i06	11 1 2 OK
	ATCACATACAGTATCCTTTTATTTTT······AGACAGAAAGTCTTCCTATACCCTGGTCAGATTACCCTGT	Mmus NM_133718 i06	11 2 2 OK
1101.143	AGACAGATCAGTATCCTTTAAAACTT······CATGCTTTTCCTTAAGTTATCTGTTTTCAGAGCAGTGGAA	Hsap NM_021940 i03	11 1 1 OK
	AGACAGATCAGTATCCTTTGCATTTG······CCCACTTTTCCTTAAGTTATCTGTCTTCAGAGCAGTAGAG	Mmus NM_028534 i03	11 1 1 OK
1101.150	AGTCATGTCTGTATCCTTTTGCAGTA······GTGTATGTCTTTGTTTCCTTAACTTAATAGGTTGGCATGT	Hsap NM_024561 i03	11 1 0 OK
	AGTCATGTCTGTATCCTTTTGCCATA······GTGGATGTCTTTATTTCCTTAACTTGATAGGTTGGCATGT	Mmus NM_025832 i03	11 1 0 OK

1101.157	GGACGATTTTATATCCTTAACTTCTG······AAGTCGGAATCTTCCTTAACAGAGCCCCACGGACTACATC GGACCATTTTATATCCTTTACTGCTG······ACATGGAATATCTTCCTTGACAGAGCCCACAGACTACATC	Hsap NM_024845 i05 Mmus NM_029090 i05	11 1 0 OK 11 1 0 OK
1101.160	GGAATACAGAATATCCTTTGTACTTG······GCTTAGTTTGACCCTTAACTGGTAACTCACAATAACCTCA GGAGTACAGAATATCCTTTGTGCTTA······GGTTAATCTGACCCTTAACCTGTAACTCACAGTAATCTCA	Hsap NM_024946 i04 Mmus NM_028221 i05	11 1 1 OK 11 1 1 OK
1101.163	GATAATACAGATATCCTTTCAGATCT······TATGTGTGTTATACCCTTAACATTTTTCACATGTGTCCAT GATAATACAGATATCCTTGAGATCTG······GCATGGACTATCCTTAACAACGCTCATCACATGTGTCCAT	Hsap NM_030877 i04 Mmus NM_025680 i04	11 1 1 OK 11 1 0 OK
1101.169	CACCACTGCCGTATCCTTTTGCTTTC······GATTCTAGTCCTTAATCATTTCCCAACCAGCCTGGCTAAA CATCACTGCCGTATCCTTTTGTTCTC······TGATCTTGTCCTTAATCATTCCTCCACCAGCCTGGCTAAA	Hsap NM_032327 i05 Mmus NM_023740 i06	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1101.179	AGGCTGGCACGTATCCTTCCACCTGC······GTCTTCATTTTTTCCTTAAACAAACCCCAGCTACATTAAA AAGCTGGAACGTATCCTTCTGCCTCT······TTGCATAATCTTTTCCTTAAAGAGACCTAGCTACATTAAA	Hsap NM_144709 i16 Mmus NM_028956 i16	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1101.182	AGCAGCAATAGTATCCTTTAAAAAAA······TTGTTTGATGCTCCATAACTCCTCATTTAGATAACTTTTT AGCAGCAATAGTATCCTTTAAAAAAA······CTGCTTGATGCTGCTTAACTCTTCATTTAGATAACTTTCT	Hsap NM_152905 i02 Mmus NM_008682 i02	11 1 1 OK 11 2 1 OK
1101.183	GGATGCTGATGTATCCTTTCCTGGGT······ATTATGTTTCTTAACTGTGGAATTTCTTAGGCTGATGAAA AGATGCTGATGTATCCTTTTCTGAAT······ATTATGTTTCTTAACTGTGGTATTTCTCAGGCAGATGAAA	Hsap NM_152991 i04 Mmus NM_021876 i04	11 2 1 OK 11 2 1 OK
1101.184	CTTTTGCAATGTATCCTTCAAAACAT······GTGGTTTTTCCTGAACTTTTCCTTCTGCAGCAAAGTTCTA CTTTTGCAATGTATCCTTCAAACCAT······GTGGTTTTTCCTGAACTTTTCCTTTTGCAGCAAAGTTCTA	Hsap NM_153354 i05 Mmus NM_175187 i05	11 1 1 OK 11 1 1 OK