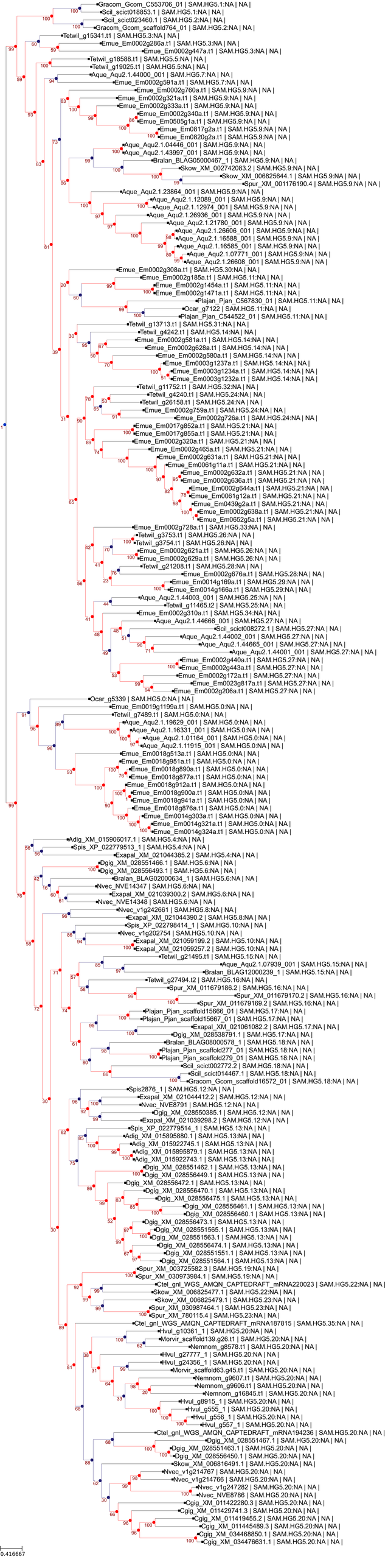
Gracom_Gcom_C553706_01 | SAM.HG5.1:NA | NA |
Scil_scict018853.1 | SAM.HG5.1:NA | NA |
Scil_scict023460.1 | SAM.HG5.2:NA | NA |
Gracom_Gcom_scaffold764_01 | SAM.HG5.2:NA | NA |
Tetwil_g15341.t1 | SAM.HG5.3:NA | NA |
Emue_Em0002g286a.t1 | SAM.HG5.3:NA | NA |
Emue_Em0002g447a.t1 | SAM.HG5.3:NA | NA |
Tetwil_g18588.t1 | SAM.HG5.5:NA | NA |
Tetwil_g19025.t1 | SAM.HG5.5:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.44000_001 | SAM.HG5.7:NA | NA |
Emue_Em0002g591a.t1 | SAM.HG5.7:NA | NA |
Emue_Em0002g760a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0002g321a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0002g333a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0002g340a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0505g1a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0817g2a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0820g2a.t1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.04446_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.43997_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Bralan_BLAG05000467_1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Skow_XM_002742083.2 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Skow_XM_006825644.1 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Spur_XM_001176190.4 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.23864_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.12089_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.12974_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.26936_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.21780_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.26606_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.16588_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.16585_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.07771_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.26608_001 | SAM.HG5.9:NA | NA |
Emue_Em0002g308a.t1 | SAM.HG5.30:NA | NA |
Emue_Em0002g185a.t1 | SAM.HG5.11:NA | NA |
Emue_Em0002g1454a.t1 | SAM.HG5.11:NA | NA |
Emue_Em0002g1471a.t1 | SAM.HG5.11:NA | NA |
Plajan_Pjan_C567830_01 | SAM.HG5.11:NA | NA |
Ocar_g7122 | SAM.HG5.11:NA | NA |
Plajan_Pjan_C544522_01 | SAM.HG5.11:NA | NA |
Tetwil_g13713.t1 | SAM.HG5.31:NA | NA |
Tetwil_g4242.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Emue_Em0002g581a.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Emue_Em0002g628a.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Emue_Em0002g580a.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Emue_Em0003g1237a.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Emue_Em0003g1234a.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Emue_Em0003g1232a.t1 | SAM.HG5.14:NA | NA |
Tetwil_g11752.t1 | SAM.HG5.32:NA | NA |
Tetwil_g4240.t1 | SAM.HG5.24:NA | NA |
Tetwil_g26158.t1 | SAM.HG5.24:NA | NA |
Emue_Em0002g759a.t1 | SAM.HG5.24:NA | NA |
Emue_Em0002g726a.t1 | SAM.HG5.24:NA | NA |
Emue_Em0017g852a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0017g855a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g320a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g465a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g631a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0061g11a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g632a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g636a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g644a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0061g12a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0439g2a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g638a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0652g5a.t1 | SAM.HG5.21:NA | NA |
Emue_Em0002g728a.t1 | SAM.HG5.33:NA | NA |
Tetwil_g3753.t1 | SAM.HG5.26:NA | NA |
Tetwil_g3754.t1 | SAM.HG5.26:NA | NA |
Emue_Em0002g621a.t1 | SAM.HG5.26:NA | NA |
Emue_Em0002g629a.t1 | SAM.HG5.26:NA | NA |
Tetwil_g21208.t1 | SAM.HG5.28:NA | NA |
Emue_Em0002g676a.t1 | SAM.HG5.28:NA | NA |
Emue_Em0014g169a.t1 | SAM.HG5.29:NA | NA |
Emue_Em0014g166a.t1 | SAM.HG5.29:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.44003_001 | SAM.HG5.25:NA | NA |
Tetwil_g11465.t2 | SAM.HG5.25:NA | NA |
Emue_Em0002g310a.t1 | SAM.HG5.34:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.44666_001 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Scil_scict008272.1 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.44002_001 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.44665_001 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.44001_001 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Emue_Em0002g440a.t1 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Emue_Em0002g443a.t1 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Emue_Em0002g172a.t1 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Emue_Em0023g817a.t1 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Emue_Em0002g206a.t1 | SAM.HG5.27:NA | NA |
Ocar_g5339 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0019g1199a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Tetwil_g7489.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.19629_001 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.16331_001 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.01164_001 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.11915_001 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g513a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g951a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g890a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g877a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g912a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g900a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g941a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0018g876a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0014g303a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0014g321a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Emue_Em0014g324a.t1 | SAM.HG5.0:NA | NA |
Adig_XM_015906017.1 | SAM.HG5.4:NA | NA |
Spis_XP_022779513_1 | SAM.HG5.4:NA | NA |
Exapal_XM_021044385.2 | SAM.HG5.4:NA | NA |
Dgig_XM_028551466.1 | SAM.HG5.6:NA | NA |
Dgig_XM_028556493.1 | SAM.HG5.6:NA | NA |
Bralan_BLAG02000634_1 | SAM.HG5.6:NA | NA |
Nvec_NVE14347 | SAM.HG5.6:NA | NA |
Exapal_XM_021039300.2 | SAM.HG5.6:NA | NA |
Nvec_NVE14348 | SAM.HG5.6:NA | NA |
Nvec_v1g242661 | SAM.HG5.8:NA | NA |
Exapal_XM_021044390.2 | SAM.HG5.8:NA | NA |
Spis_XP_022798414_1 | SAM.HG5.10:NA | NA |
Nvec_v1g202754 | SAM.HG5.10:NA | NA |
Exapal_XM_021059199.2 | SAM.HG5.10:NA | NA |
Exapal_XM_021059257.2 | SAM.HG5.10:NA | NA |
Tetwil_g21495.t1 | SAM.HG5.15:NA | NA |
Aque_Aqu2.1.07939_001 | SAM.HG5.15:NA | NA |
Bralan_BLAG12000239_1 | SAM.HG5.15:NA | NA |
Tetwil_g27494.t2 | SAM.HG5.16:NA | NA |
Spur_XM_011679186.2 | SAM.HG5.16:NA | NA |
Spur_XM_011679170.2 | SAM.HG5.16:NA | NA |
Spur_XM_011679169.2 | SAM.HG5.16:NA | NA |
Plajan_Pjan_scaffold15666_01 | SAM.HG5.17:NA | NA |
Plajan_Pjan_scaffold15667_01 | SAM.HG5.17:NA | NA |
Exapal_XM_021061082.2 | SAM.HG5.17:NA | NA |
Dgig_XM_028538791.1 | SAM.HG5.17:NA | NA |
Bralan_BLAG08000578_1 | SAM.HG5.18:NA | NA |
Plajan_Pjan_scaffold277_01 | SAM.HG5.18:NA | NA |
Plajan_Pjan_scaffold279_01 | SAM.HG5.18:NA | NA |
Scil_scict002772.2 | SAM.HG5.18:NA | NA |
Scil_scict014467.1 | SAM.HG5.18:NA | NA |
Gracom_Gcom_scaffold16572_01 | SAM.HG5.18:NA | NA |
Spis2876_1 | SAM.HG5.12:NA | NA |
Exapal_XM_021044412.2 | SAM.HG5.12:NA | NA |
Nvec_NVE8791 | SAM.HG5.12:NA | NA |
Dgig_XM_028550385.1 | SAM.HG5.12:NA | NA |
Exapal_XM_021039298.2 | SAM.HG5.12:NA | NA |
Spis_XP_022779514_1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Adig_XM_015895880.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Adig_XM_015922745.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Adig_XM_015895879.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Adig_XM_015922743.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028551462.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556449.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556472.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556470.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556475.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556461.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556460.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556473.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028551565.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028551563.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028556474.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028551551.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Dgig_XM_028551564.1 | SAM.HG5.13:NA | NA |
Spur_XM_003725582.3 | SAM.HG5.19:NA | NA |
Spur_XM_030973984.1 | SAM.HG5.19:NA | NA |
Ctel_gnl_WGS_AMQN_CAPTEDRAFT_mRNA220023 | SAM.HG5.22:NA | NA |
Skow_XM_006825477.1 | SAM.HG5.22:NA | NA |
Skow_XM_006825479.1 | SAM.HG5.23:NA | NA |
Spur_XM_030987464.1 | SAM.HG5.23:NA | NA |
Spur_XM_780115.4 | SAM.HG5.23:NA | NA |
Ctel_gnl_WGS_AMQN_CAPTEDRAFT_mRNA187815 | SAM.HG5.35:NA | NA |
Hvul_g10361_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Morvir_scaffold139.g26.t1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nemnom_g8578.t1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Hvul_g27777_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Hvul_g24356_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Morvir_scaffold63.g45.t1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nemnom_g9607.t1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nemnom_g9606.t1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nemnom_g16845.t1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Hvul_g8915_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Hvul_g555_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Hvul_g556_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Hvul_g557_1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Ctel_gnl_WGS_AMQN_CAPTEDRAFT_mRNA194236 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Dgig_XM_028551467.1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Dgig_XM_028551463.1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Dgig_XM_028556450.1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Skow_XM_006816491.1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nvec_v1g214767 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nvec_v1g214766 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nvec_v1g247282 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Nvec_NVE8786 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Cgig_XM_011422280.3 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Cgig_XM_011429741.3 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Cgig_XM_011419455.2 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Cgig_XM_011445489.3 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Cgig_XM_034468850.1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
Cgig_XM_034476631.1 | SAM.HG5.20:NA | NA |
0.416667