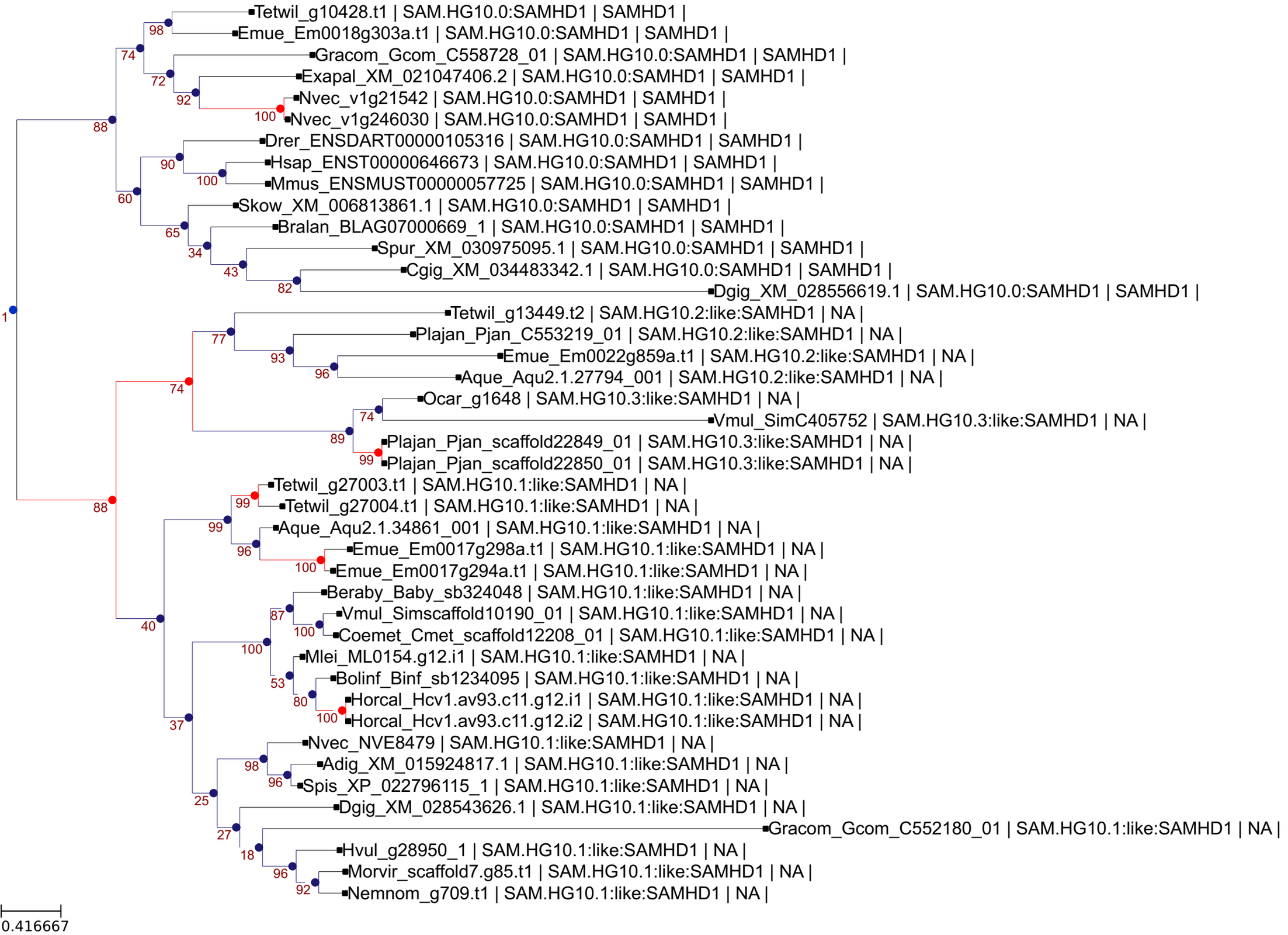
Tetwil_g10428.t1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Emue_Em0018g303a.t1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Gracom_Gcom_C558728_01 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Exapal_XM_021047406.2 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Nvec_v1g21542 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Nvec_v1g246030 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Drer_ENSDART00000105316 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Hsap_ENST00000646673 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Mmus_ENSMUST00000057725 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Skow_XM_006813861.1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Bralan_BLAG07000669_1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Spur_XM_030975095.1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Cgig_XM_034483342.1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Dgig_XM_028556619.1 | SAM.HG10.0:SAMHD1 | SAMHD1 |
Tetwil_g13449.t2 | SAM.HG10.2:like:SAMHD1 | NA |
Plajan_Pjan_C553219_01 | SAM.HG10.2:like:SAMHD1 | NA |
Emue_Em0022g859a.t1 | SAM.HG10.2:like:SAMHD1 | NA |
Aque_Aqu2.1.27794_001 | SAM.HG10.2:like:SAMHD1 | NA |
Ocar_g1648 | SAM.HG10.3:like:SAMHD1 | NA |
Vmul_SimC405752 | SAM.HG10.3:like:SAMHD1 | NA |
Plajan_Pjan_scaffold22849_01 | SAM.HG10.3:like:SAMHD1 | NA |
Plajan_Pjan_scaffold22850_01 | SAM.HG10.3:like:SAMHD1 | NA |
Tetwil_g27003.t1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Tetwil_g27004.t1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Aque_Aqu2.1.34861_001 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Emue_Em0017g298a.t1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Emue_Em0017g294a.t1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Beraby_Baby_sb324048 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Vmul_Simscaffold10190_01 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Coemet_Cmet_scaffold12208_01 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Mlei_ML0154.g12.i1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Bolinf_Binf_sb1234095 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Horcal_Hcv1.av93.c11.g12.i1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Horcal_Hcv1.av93.c11.g12.i2 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Nvec_NVE8479 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Adig_XM_015924817.1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Spis_XP_022796115_1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Dgig_XM_028543626.1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Gracom_Gcom_C552180_01 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Hvul_g28950_1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Morvir_scaffold7.g85.t1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
Nemnom_g709.t1 | SAM.HG10.1:like:SAMHD1 | NA |
0.416667