

# CoReTracker report

		Clad. Val	Reassigned	Tot. count	Telford	Tot. Genes	Use. count	Trans. Val	Rea. Genes	Rea. count	Prob
<b>MmagnB</b>	<b>CAA</b>	False	False	38	1.402860	11	29	False	1	1	0.000
<b>CphanA</b>	<b>CAA</b>	False	False	42	1.663486	12	36	False	1	1	0.000
<b>CgallA</b>	<b>CAA</b>	False	False	41	1.700372	12	36	False	1	1	0.000
<b>MmagnA</b>	<b>CAA</b>	False	False	39	1.344235	11	29	False	1	1	0.000
<b>CjiufA</b>	<b>CAA</b>	False	False	39	1.886598	12	37	False	1	1	0.000
<b>CdefoA</b>	<b>CAA</b>	False	False	42	1.663486	12	36	False	1	1	0.000
<b>MingeA</b>	<b>CAA</b>	False	False	44	1.440997	12	35	False	1	1	0.000
<b>MstarA</b>	<b>CAA</b>	False	False	46	1.360675	12	35	False	1	1	0.000
<b>YlipoB</b>	<b>CAA</b>	False	False	41	1.720795	12	36	False	1	1	0.000
<b>YlipoA</b>	<b>CAA</b>	False	False	41	1.720795	12	36	False	1	1	0.000
<b>CalimA</b>	<b>CAA</b>	False	False	41	1.649536	12	35	False	1	1	0.000
<b>CsantA</b>	<b>CAG</b>	False	False	22	1.925424	10	15	False	2	4	0.000
<b>MtetrA</b>	<b>CAA</b>	False	False	24	1.456237	9	18	False	1	1	0.000
<b>SpombA</b>	<b>CAA</b>	False	False	28	0.876670	7	17	False	1	1	0.055
<b>CsalmA</b>	<b>CAA</b>	False	False	40	1.350579	11	30	False	1	1	0.000
<b>CzempA</b>	<b>CAA</b>	False	False	26	1.487832	7	19	False	1	1	0.000
<b>SoctoA</b>	<b>CAA</b>	False	False	24	0.978842	7	15	False	1	1	0.051
<b>OanguA</b>	<b>CAA</b>	False	False	37	1.777945	12	33	False	1	1	0.000
<b>ScryoA</b>	<b>CAA</b>	False	False	25	1.013814	7	16	False	1	1	0.051