

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
1	TTGTCAACT	1.0E-03	4193493	+	-297
1	GTATCCACA	7.7E-05	21	+	-129
1	TTATCGACA	3.9E-04	34	+	-116
1	ATTTTCACA	5.7E-04	45	+	-105
1	TTGTCCACA	9.3E-06	65	-	-85
1	TTTTCAACA	1.7E-04	78	+	-72
1	TTATCCACA	5.3E-06	99	-	-51
1	TTATCCACA	5.3E-06	193	+	43
1	TTATCCACA	5.3E-06	205	-	55
1	CAATCCACA	4.6E-04	216	-	66
1	TTCTACACA	1.4E-03	238	-	88
1	TTGTCCACA	9.3E-06	249	+	99
1	TTTTCGACA	1.5E-03	270	-	120
1	TTTTCAACA	1.7E-04	303	+	153
1	TCGTACACA	8.7E-04	317	-	167
2	TTATTCACA	1.6E-05	1777	-	-60
2	TCATACACA	4.3E-04	1797	+	-40
2	CTGTCCACA	1.1E-04	1808	+	-29
2	CTATCCACA	3.2E-05	1817	-	-20
2	TTTTTCACA	1.3E-04	1841	+	4
2	TTATCCACA	5.3E-06	1852	+	15
2	AAATCCACA	4.3E-04	1860	+	23
2	CTTTCACA	8.1E-04	1968	-	131
3	CCATCCACA	3.4E-04	3885315	+	-355
3	CTTTCACA	8.1E-04	3885553	-	-117
3	TTATACACA	5.9E-05	3885605	+	-65
3	TTAATCACA	4.3E-04	3885638	+	-32
3	ATATCCACA	2.8E-05	3885651	+	-19
3	ATGTCCACA	9.3E-05	3885659	+	-11
3	ATATTCCCA	1.2E-03	3885697	+	27
3	ATATACACA	2.9E-04	3885711	+	41
3	TTATTCACT	4.3E-04	3885723	+	53
3	TTATACACA	5.9E-05	3885731	+	61
3	TTATACACA	5.9E-05	3885746	-	76
3	TTATACACA	5.9E-05	3885763	+	93
3	TTATCCACA	5.3E-06	3885932	+	262
4	TTATTAACA	7.3E-05	627872	+	-79
4	CAATTCACA	1.0E-03	627883	+	-68
4	TTATCCACA	5.3E-06	627894	+	-57
4	TACTCACA	2.9E-04	627907	-	-44
4	TTATTAACA	7.3E-05	627952	-	1
4	TTATCCACT	1.7E-04	627961	-	10
4	CTATCCACA	3.2E-05	627983	-	32
4	TTATACACA	5.9E-05	627992	-	41
4	TTATCCACA	5.3E-06	628035	-	84
4	CTATCCACA	3.2E-05	628088	-	137

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
5	ATTTCCACA	2.3E-04	4190897	-	-170
5	TTATCCACA	5.3E-06	4191023	+	-44
5	TTATCCACA	5.3E-06	4191063	+	-4
5	TTATTCACA	1.6E-05	4191072	-	5
5	TTATCAACA	2.3E-05	4191110	+	43
5	TTATTCACG	8.7E-04	4191326	-	259
6	TTGTCCACA	9.3E-06	3771832	-	-269
6	TGATCCACA	1.3E-04	3771990	-	-111
6	TTATCCACA	5.3E-06	3772001	-	-100
6	ACATCCACA	2.6E-04	3772020	+	-81
6	TTATTCACA	1.6E-05	3772064	+	-37
6	TTATCCACA	5.3E-06	3772144	+	43
6	TTGTCCACA	9.3E-06	3772156	-	55
6	TTATCCACT	1.7E-04	3772177	-	76
6	TTATACACA	5.9E-05	3772189	-	88
6	TTATCCAGA	7.0E-04	3772205	+	104
6	CGATTCACA	1.4E-03	3772250	+	149
7	TTTTTAACA	4.3E-04	2619869	+	-178
7	TTTTCGACA	1.5E-03	2619917	-	-130
7	TTATCCACA	5.3E-06	2619995	-	-52
7	TTACACACA	7.0E-04	2620006	+	-41
7	CTATCCACT	8.1E-04	2620015	+	-32
7	TTATAAACA	2.0E-04	2620049	+	2
7	ATACTCACA	1.1E-03	2620060	+	13
7	TTATCCACT	1.7E-04	2620071	+	24
7	TTATCCACA	5.3E-06	2620086	-	39
8	ATATTCACA	9.3E-05	4112941	+	-67
8	TCATCCCCA	7.0E-04	4112952	+	-56
8	TTATTCATA	1.0E-03	4112974	+	-34
8	TTGTCCACA	9.3E-06	4112987	+	-21
8	ATATCCACA	2.8E-05	4112998	-	-10
8	TAATTCACA	2.1E-04	4113068	+	60
8	TTATCCACA	5.3E-06	4113080	-	72
8	TTCTTCACA	5.7E-04	4113170	+	162
8	TTATTCACA	1.6E-05	4113261	+	253
8	TTATCCACA	5.3E-06	4113295	+	287
8	TCATCAACA	1.9E-04	4113319	-	311
9	TTCTTAACA	1.5E-03	1670746	-	-64
9	TTATTCACA	1.6E-05	1670797	+	-13
9	TAATTCACA	2.1E-04	1670815	-	5
9	GAATCCACA	7.0E-04	1670824	-	14
10	TTATCAACA	2.3E-05	137705	+	-18
10	TTATGCACA	5.9E-05	137730	-	7
10	TTATCAACA	2.3E-05	137915	+	192
10	TCACCCACA	7.0E-04	137997	+	274
11	TTTTCAACA	1.7E-04	1870544	-	-74

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
11	TGATCAACA	4.3E-04	1870594	+	-24
11	TTATCCACA	5.3E-06	1870624	+	6
12	ATATACACA	2.9E-04	962393	+	-366
12	TTATTCACA	1.6E-05	962597	+	-162
12	TTATAAACA	2.0E-04	962732	+	-27
12	TTATCCCCA	1.3E-04	962764	-	5
12	TTGCCCACA	2.6E-04	962785	-	26
13	TTTTCAACA	1.7E-04	2158624	+	-211
13	TTGTACACA	1.5E-04	2158684	+	-151
13	CTGTTTACA	2.6E-04	2158819	+	-16
13	ATATCCACA	2.8E-05	2158843	-	8
13	TTATTCACA	1.6E-05	2158867	-	32
14	TGATCCCCA	1.4E-03	3582497	+	-377
14	TTTTCCACA	4.3E-05	3582862	+	-12
14	ATATCAACA	1.3E-04	3582899	+	25
14	TAATGAACA	1.4E-03	3583087	+	213
15	GAATTCACA	1.5E-03	972562	+	-185
15	TTGACAACA	1.0E-03	972742	+	-5
15	TCATTAACA	4.6E-04	972752	-	5
15	TTATTGACA	8.1E-04	972764	-	17
15	ATTTACACA	1.4E-03	973097	+	350
16	TTATCCTCA	6.2E-04	3287219	-	-324
16	TTTTGCACA	3.9E-04	3287471	-	-72
16	TTATTAACA	7.3E-05	3287506	+	-37
16	TTATACACA	5.9E-05	3287546	-	3
16	CTGTCCACA	1.1E-04	3287587	-	44
16	TTCTCCACA	2.6E-04	3287633	-	90
17	TTATCCACA	5.3E-06	4104254	+	-4
17	TTGTCCTCA	1.3E-03	4104282	-	24
17	ATATGAACA	8.1E-04	4104326	+	68
17	TTTTGCACA	3.9E-04	4104484	+	226
18	ATATCCCCA	5.2E-04	3648229	+	-355
18	TCATCAACA	1.9E-04	3648548	+	-36
18	AGATCAACA	1.4E-03	3648572	-	-12
18	TTATAAACA	2.0E-04	3648590	+	6
18	CCATCAACA	8.7E-04	3648690	+	106
19	TTATCCCCA	1.3E-04	2184370	+	3
19	TTATCCACC	3.9E-04	2184382	+	15
20	ATCTCCACA	1.0E-03	722356	-	-137
20	ATATCCACA	2.8E-05	722467	-	-26
20	TTATCAACA	2.3E-05	722508	-	15
20	ATATCACCA	1.4E-03	722776	-	283
21	ATTTTAACA	1.5E-03	1874926	-	-319
21	TAATCCACA	8.2E-05	1874945	+	-300
21	ATATCCACT	7.0E-04	1875209	+	-36
21	TCATCCACT	9.6E-04	1875218	+	-27

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
21	GTATCAACA	2.3E-04	1875251	+	6
21	TTATGAACA	1.9E-04	1875297	-	52
22	TTATCCACA	5.3E-06	2901929	+	-45
22	ATATCCACA	2.8E-05	2901980	+	6
22	AAATCAACA	1.1E-03	2902148	+	174
23	TTATCCAGA	7.0E-04	2254794	+	-45
23	TTTTCCCCA	6.2E-04	2254843	-	4
23	TAATCAACA	2.6E-04	2254869	+	30
23	TTATAAACA	2.0E-04	2255018	+	179
24	TTTTTAACA	4.3E-04	1253432	+	-384
24	TTATTTACA	1.3E-03	1253696	-	-120
24	TTATTAACA	7.3E-05	1253706	-	-110
24	TCG TTCACA	3.4E-04	1253717	-	-99
24	CTATTAACA	3.9E-04	1253817	-	1
24	ATTTCCACA	2.3E-04	1253858	-	42
25	GTGTCCACA	2.0E-04	2036985	-	-339
25	AAATCCACA	4.3E-04	2037062	-	-262
25	ATATCGACA	1.3E-03	2037266	+	-58
25	T TACTCACA	2.9E-04	2037299	-	-25
25	ATATCAACA	1.3E-04	2037343	-	19
25	TTTTGAACA	9.6E-04	2037393	-	69
25	TTTTCAACA	1.7E-04	2037429	+	105
25	ATATCAACA	1.3E-04	2037662	+	338
26	AAATTCACA	9.6E-04	2241836	-	-255
26	TTATCCCCA	1.3E-04	2242042	+	-49
26	TTATCCCCA	1.3E-04	2242095	+	4
26	TAGTCCACA	2.1E-04	2242172	+	81
26	GTATGAACA	1.3E-03	2242203	+	112
26	TAATCCACT	1.3E-03	2242397	+	306
27	TTATCCACA	5.3E-06	2864210	+	-4
27	TTATCTACA	6.2E-04	2864309	+	95
27	AAATCAACA	1.1E-03	2864495	+	281
28	TTATCCACA	5.3E-06	2657843	+	-49
28	TTATTCACC	8.7E-04	2657897	+	5
28	TTATCTACA	6.2E-04	2658001	+	109
28	TTATTCATA	1.0E-03	2658022	+	130
28	TATTT CACA	1.1E-03	2658040	-	148
29	ATG TTCACA	2.3E-04	3766372	+	-14
29	TCTTCCACA	3.4E-04	3766589	+	203
29	CCATTCACA	7.0E-04	3766659	-	273
29	TCTTCCACA	3.4E-04	3766724	+	338
30	TTCTTAACA	1.5E-03	3637019	-	-40
30	TAATTCACA	2.1E-04	3637029	-	-30
30	TTAACAACA	4.9E-04	3637056	-	-3
30	TTAATAACA	1.1E-03	3637296	+	237
31	TTGCCAACA	8.1E-04	537404	+	-328

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
31	TTTTGAACA	9.6E-04	537523	-	-209
31	TAATCCACA	8.2E-05	537680	-	-52
31	GTATCCCCA	9.6E-04	537727	-	-5
31	TCATACACA	4.3E-04	537766	+	34
31	TTAACCACA	1.9E-04	537790	-	58
31	ATATGAACA	8.1E-04	537898	-	166
31	ATATGAACA	8.1E-04	538021	+	289
32	TTATTCACA	1.6E-05	3930964	-	-51
32	ATGTCCACA	9.3E-05	3931017	-	2
32	ATTTGCACA	1.3E-03	3931039	-	24
32	TTTTTCACA	1.3E-04	3931066	+	51
32	ATATGAACA	8.1E-04	3931284	+	269
33	ATTTCAACA	7.0E-04	3444517	-	-309
33	ATACCAACA	1.3E-03	3444749	+	-77
33	ATATTCACT	1.4E-03	3444779	+	-47
33	TTATCAATA	1.2E-03	3444801	+	-25
33	TAGTTAACA	1.3E-03	3444897	+	71
34	ATATCAACA	1.3E-04	2230877	-	-257
34	CTATTAACA	3.9E-04	2230913	-	-221
34	TTATTAACT	1.0E-03	2230970	-	-164
34	TGATCAACA	4.3E-04	2231030	+	-104
34	GCATCCACA	4.9E-04	2231124	+	-10
34	TAATTAACA	6.2E-04	2231171	-	37
34	TTGACAACA	1.0E-03	2231255	-	121
34	TTGTCCACT	3.9E-04	2231344	+	210
35	TTATCCACT	1.7E-04	4103024	+	-4
35	TCATCAACA	1.9E-04	4103115	-	87
35	TTATCCAGA	7.0E-04	4103315	+	287
36	CCTTCCACA	1.4E-03	2046802	-	-169
36	TTTTTCACA	1.3E-04	2046865	-	-106
36	TTATGAACA	1.9E-04	2046964	+	-7
36	CTGTTCACA	2.6E-04	2047036	-	65
36	ATATTCACT	1.4E-03	2047066	-	95
36	TTTTCAACA	1.7E-04	2047232	-	261
37	ACATTCACA	6.2E-04	513202	-	-286
37	ACATTCACA	6.2E-04	513328	-	-160
37	TTATGCACA	5.9E-05	513487	+	-1
37	TTTTAAACA	1.0E-03	513590	+	102
38	TCAACCACA	1.0E-03	1005752	+	-373
38	TCGTCCCCA	1.4E-03	1006090	-	-35
38	TTGTTCACA	4.3E-05	1006106	-	-19
38	TTGTTCACT	8.7E-04	1006159	-	34
38	ATTTCAACA	7.0E-04	1006205	+	80
39	TTATTCACA	1.6E-05	2001370	+	-10
39	AAATTCACA	9.6E-04	2001392	+	12
39	ATTTCAACA	7.0E-04	2001590	+	210

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
39	TTACCCCCA	1.3E-03	2001749	+	369
40	GTTTCCACA	4.6E-04	624755	-	-14
40	TTATCCACA	5.3E-06	624772	+	3
40	CTTTCAACA	8.1E-04	624920	-	151
41	ACATACACA	1.5E-03	2143834	-	-343
41	ATATTCACT	1.4E-03	2143903	+	-274
41	TTTTAAACA	1.0E-03	2144152	-	-25
41	TTATTCAGA	1.4E-03	2144169	+	-8
41	TTATTAACA	7.3E-05	2144182	+	5
42	TTGTTAACA	1.7E-04	3360149	-	-1
42	ATGTCCACA	9.3E-05	3360180	+	30
43	TAATCCACA	8.2E-05	3282009	-	-32
43	TTCTTCACA	5.7E-04	3282024	-	-17
43	TTATCCCCA	1.3E-04	3282045	-	4
44	ATGTCCCCA	1.1E-03	4185782	-	-41
44	TTATCCACA	5.3E-06	4185822	+	-1
44	ATATTCACT	1.4E-03	4185860	+	37
44	TTTTTAACA	4.3E-04	4185889	-	66
45	TTATCCACA	5.3E-06	3887119	-	-37
45	TTATACACA	5.9E-05	3887167	-	11
46	TTTTAAACA	1.0E-03	2687164	-	-199
46	ATAATCACA	1.5E-03	2687307	+	-56
46	TTATTAACT	1.0E-03	2687366	+	3
46	TTATTCACA	1.6E-05	2687381	+	18
47	TTGTCACCA	8.1E-04	2036861	+	-41
47	ATGTGCACA	6.2E-04	2036878	-	-24
47	CTCTCCACA	1.1E-03	2036898	+	-4
47	GTGTCCACA	2.0E-04	2036985	-	83
47	AAATCCACA	4.3E-04	2037062	-	160
47	ATATCGACA	1.3E-03	2037266	+	364
48	ATATTCCCA	1.2E-03	730696	+	-234
48	TTATTCACA	1.6E-05	730928	-	-2
49	TTTTGAACA	9.6E-04	1098545	+	-210
49	AAATCCACA	4.3E-04	1098702	-	-53
49	TTTTGAACA	9.6E-04	1098710	+	-45
49	CCATTCACA	7.0E-04	1098760	+	5
49	TCATCCACA	5.9E-05	1098782	+	27
49	TAATCAACA	2.6E-04	1099121	-	366
50	GTATCAACA	2.3E-04	1535900	-	-358
50	TTATACACA	5.9E-05	1536188	+	-70
50	TTATTAACA	7.3E-05	1536261	+	3
50	TTTTACACA	3.9E-04	1536325	+	67
50	TTTTTAACA	4.3E-04	1536451	-	193
50	TTATTCTCA	1.4E-03	1536634	+	376
51	TAATTCACA	2.1E-04	3107521	+	-79
51	TTATTAACA	7.3E-05	3107604	+	4

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
51	ACATCCACA	2.6E-04	3107688	+	88
52	TAATCAACA	2.6E-04	216184	-	-51
52	TTGTCTACA	1.3E-03	216294	+	59
52	TTATTAACA	7.3E-05	216315	+	80
53	TCATTAACA	4.6E-04	2760372	-	-263
53	AAATTCACA	9.6E-04	2760493	+	-142
53	CTATTCACA	1.1E-04	2760592	+	-43
53	TTATCCACA	5.3E-06	2760632	+	-3
53	GTATCAACA	2.3E-04	2760784	-	149
54	CAATCCACA	4.6E-04	2009753	-	-68
54	TCATCAACA	1.9E-04	2009887	-	66
54	ATTTCCACA	2.3E-04	2010214	+	393
55	CCTTCCACA	1.4E-03	3822968	+	-16
55	CTATCCACA	3.2E-05	3822986	+	2
56	AAATCCACA	4.3E-04	2040584	+	-23
56	TTGCTAACA	1.5E-03	2040618	+	11
56	ATACCAACA	1.3E-03	2040662	-	55
57	TTTTCCACA	4.3E-05	2861520	+	-67
57	GTATCAACA	2.3E-04	2861624	+	37
57	TTGTTTACA	4.3E-05	2861635	-	48
58	TTATTAACT	1.0E-03	4111680	-	-386
58	TTATCAATA	1.2E-03	4111731	-	-335
58	TTATACACA	5.9E-05	4112038	+	-28
58	TTATTAACT	1.0E-03	4112070	-	4
58	CTTTCCACA	2.9E-04	4112301	+	235
59	TCATCAACA	1.9E-04	3430955	+	-157
59	TCATCAACA	1.9E-04	3431099	+	-13
59	TTATTCACA	1.6E-05	3431114	+	2
59	TTGTCACCA	8.1E-04	3431466	-	354
60	ATATGCACA	2.9E-04	2170488	+	-361
60	TTATTAACA	7.3E-05	2170826	+	-23
60	TTATCTACA	6.2E-04	2170866	+	17
60	TCATTCCCA	1.5E-03	2170881	+	32
61	ATATCAACA	1.3E-04	918657	+	-49
61	GTGTCCACA	2.0E-04	918691	+	-15
61	TTATCCTCA	6.2E-04	918723	-	17
61	ATATAAACA	8.7E-04	918813	+	107
62	ATATACACA	2.9E-04	3222540	-	-316
62	TAATAAACA	1.5E-03	3222722	-	-134
62	TTATACACA	5.9E-05	3222919	+	63
62	GTATGAACA	1.3E-03	3223220	+	364
63	TTGTGCACA	1.5E-04	415844	+	-228
63	ATATCCCCA	5.2E-04	416085	+	13
63	TTATCAACA	2.3E-05	416094	-	22
63	AGATCAACA	1.4E-03	416203	+	131
64	TTATCCACA	5.3E-06	202042	-	-42

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
64	TTTTCCACT	8.7E-04	202160	-	76
64	GTATTAACA	5.2E-04	202316	-	232
64	TTATTGACA	8.1E-04	202434	+	350
65	TTATCAACG	1.0E-03	2171704	+	-24
65	TTTTCCCCA	6.2E-04	2171728	+	0
65	GTATACACA	5.2E-04	2171761	-	33
66	ATATCACCA	1.4E-03	643815	-	-129
66	TTATCAACA	2.3E-05	643938	-	-6
66	ATGTCCCCA	1.1E-03	644043	-	99
66	TCATCAACA	1.9E-04	644052	-	108
66	TTATCACCA	3.9E-04	644311	-	367
67	ATATTCACT	1.4E-03	3645140	-	-244
67	TTATCCACT	1.7E-04	3645395	+	11
67	TTATCAATA	1.2E-03	3645488	-	104
67	ATATTCACT	1.4E-03	3645748	+	364
68	ATGTTCACA	2.3E-04	666568	-	-145
68	CAATTCACA	1.0E-03	666695	-	-18
68	TTCTCAACA	7.0E-04	666706	-	-7
68	TTATTCACA	1.6E-05	666779	+	66
68	TGATCCCCA	1.4E-03	667017	-	304
69	TGTTTCACA	1.4E-03	2042255	+	-196
69	ATAATCACA	1.5E-03	2042392	+	-59
69	TTTTACACA	3.9E-04	2042441	+	-10
69	ATATCGACA	1.3E-03	2042456	+	5
69	AAATTCACA	9.6E-04	2042541	-	90
69	ATGTCAACA	2.9E-04	2042651	+	200
69	CTACCAACA	1.4E-03	2042827	-	376
70	TTATCTACA	6.2E-04	2216934	+	-46
70	TTATTGACA	8.1E-04	2217039	-	59
70	TGATCAACA	4.3E-04	2217153	+	173
70	AAATCAACA	1.1E-03	2217194	+	214
70	TTATTAACA	7.3E-05	2217323	+	343
71	GTATACACA	5.2E-04	1886249	-	-311
71	GTGTACACA	1.1E-03	1886435	+	-125
71	CTATAAACA	9.6E-04	1886566	+	6
71	TTGTCCCCA	2.9E-04	1886575	-	15
71	CTATTCACT	1.5E-03	1886628	-	68
71	TTATTCAGA	1.4E-03	1886741	+	181
72	GTTTCCACA	4.6E-04	546254	-	-122
72	TTATCCCCA	1.3E-04	546382	+	6
72	TTATCTACA	6.2E-04	546401	+	25
72	TTGTTAACA	1.7E-04	546488	-	112
73	TTTCTCACA	1.3E-03	1369223	+	-291
73	TTAATAACA	1.1E-03	1369447	-	-67
73	TTACCAACA	3.9E-04	1369478	-	-36
73	TTGTCAACA	7.3E-05	1369509	+	-5

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
73	TTATTTACA	1.3E-03	1369533	+	19
73	TTATCCACC	3.9E-04	1369836	-	322
74	TTGTCTACA	1.3E-03	2228985	-	-326
74	TTGTCCATA	1.0E-03	2229229	-	-82
74	TTCTTAACA	1.5E-03	2229273	-	-38
74	ATGTCCACA	9.3E-05	2229306	-	-5
74	TTCTCAACA	7.0E-04	2229360	-	49
74	ATTTTAACA	1.5E-03	2229508	+	197
75	TTTTCCACT	8.7E-04	3233583	+	-39
75	ATATTAACA	3.4E-04	3233609	-	-13
75	ATATCCCCA	5.2E-04	3233625	+	3
75	TTGTCCATA	1.0E-03	3233706	+	84
75	AAATTCACA	9.6E-04	3233850	-	228
76	TGATCCCCA	1.4E-03	2210860	-	-286
76	TTTTACACA	3.9E-04	2211045	-	-101
76	ATTTTAACA	1.5E-03	2211140	+	-6
76	TTCCAACA	1.5E-03	2211272	+	126
76	TGTTCCACA	7.0E-04	2211504	-	358
77	TTTTCCACA	4.3E-05	2870061	-	-28
77	TTATCCTCA	6.2E-04	2870085	+	-4
77	GTGTCAACA	5.2E-04	2870248	+	159
77	ATATAAACA	8.7E-04	2870404	+	315
78	ATATCAACA	1.3E-04	1768475	+	-90
78	TTTTTCACA	1.3E-04	1768560	+	-5
78	TTAACAACA	4.9E-04	1768616	+	51
78	TTATACACA	5.9E-05	1768675	+	110
78	TCTTCAACA	9.6E-04	1768829	-	264
78	TTTTTCCCA	1.4E-03	1768886	+	321
79	ATATTAACA	3.4E-04	1250048	-	-25
79	TTTTCAACA	1.7E-04	1250075	+	2
80	CCATCAACA	8.7E-04	727825	+	-132
80	AGATTCACA	1.2E-03	727893	+	-64
80	TTATAAACA	2.0E-04	728105	+	148
81	TCATTAACA	4.6E-04	646029	-	-391
81	AAATCAACA	1.1E-03	646356	-	-64
81	ATATAAACA	8.7E-04	646395	-	-25
81	TTTTCCACT	8.7E-04	646447	+	27
81	TTGTAAACA	4.6E-04	646544	-	124
82	TTGATCACA	8.7E-04	2302293	+	-273
82	TATTCAACA	1.3E-03	2302325	-	-241
82	ACATGCACA	1.4E-03	2302558	+	-8
82	TTATCAACA	2.3E-05	2302603	+	37
82	ATGTCAACA	2.9E-04	2302631	-	65
82	TTATCAATA	1.2E-03	2302889	-	323
83	TTGCCAACA	8.1E-04	1856118	-	-121
83	ATATCAACA	1.3E-04	1856280	-	41

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
84	AAATCCACA	4.3E-04	2244172	-	-273
84	ATATCGACA	1.3E-03	2244376	+	-69
84	TTACTCACA	2.9E-04	2244409	-	-36
84	ATATCAACA	1.3E-04	2244453	-	8
84	TTTTGAACA	9.6E-04	2244503	-	58
84	TTTTTCACA	1.3E-04	2244555	-	110
84	TGATCAACA	4.3E-04	2244629	-	184
84	ATATTAACA	3.4E-04	2244776	+	331
84	TTACCAACA	3.9E-04	2244835	-	390
85	GCATCAACA	1.3E-03	1974956	+	-338
85	TTTTAAACA	1.0E-03	1975148	+	-146
85	TTTTACACA	3.9E-04	1975241	+	-53
85	TTACTCACA	2.9E-04	1975297	-	3
85	TTAAGCACA	1.0E-03	1975453	+	159
86	TAATCCACA	8.2E-05	3900226	+	-36
86	ATATTCACA	9.3E-05	3900268	+	6
86	GTTTTTCACA	1.0E-03	3900282	-	20
87	TTATTTACA	1.3E-03	2681545	+	-332
87	TTATCACCA	3.9E-04	2681722	+	-155
87	TTATTAACT	1.0E-03	2681789	+	-88
87	TTTTCCACA	4.3E-05	2681923	-	46
87	TTATCAACG	1.0E-03	2681936	-	59
88	ATTTGCACA	1.3E-03	650778	-	-279
88	TTTTTAACA	4.3E-04	650924	-	-133
88	TTATGCACA	5.9E-05	651051	+	-6
88	TAATCAACA	2.6E-04	651117	-	60
88	TTTTCCACA	4.3E-05	651196	-	139
89	TTAAACACA	1.0E-03	526032	-	-305
89	TTGTCAACA	7.3E-05	526299	-	-38
89	CAATCCACA	4.6E-04	526370	-	33
89	GTTTTTCACA	1.0E-03	526379	+	42
89	TTATCAACT	4.9E-04	526434	-	97
89	TTGTTCCCA	6.2E-04	526486	-	149
90	TTATTCATA	1.0E-03	4152557	-	-224
90	TTAATAACA	1.1E-03	4152758	-	-23
90	GTGTACACA	1.1E-03	4152773	+	-8
90	TAATAAACA	1.5E-03	4152831	-	50
90	ATATACACA	2.9E-04	4152935	-	154
90	ATATTCACA	9.3E-05	4153020	+	239
91	ATATGAACA	8.1E-04	2630360	-	-353
91	ATATTCACA	9.3E-05	2630638	-	-75
91	CCTTCCACA	1.4E-03	2630747	+	34
91	TTTTAAACA	1.0E-03	2630761	+	48
91	ACGTCAACA	1.5E-03	2631017	+	304
92	ATATGAACA	8.1E-04	211543	+	-263
92	ATATCGACA	1.3E-03	211777	+	-29

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
92	TAATAAACA	1.5E-03	211836	-	30
92	TTATTACCA	8.7E-04	212000	+	194
93	TTATCAACT	4.9E-04	543310	+	8
93	ATATCCACT	7.0E-04	543369	-	67
93	TGATTCACA	3.4E-04	543503	-	201
93	TTATTTACA	1.3E-03	543577	-	275
94	TATTCACA	1.3E-03	347558	+	-65
94	CAATCCACA	4.6E-04	347597	-	-26
94	TTTTCCACA	4.3E-05	347723	+	100
94	TTATTACCA	8.7E-04	347988	+	365
95	TTTTAAACA	1.0E-03	2946809	-	-95
95	TTATCTACA	6.2E-04	2946911	+	7
95	ATACCAACA	1.3E-03	2946933	+	29
95	CTATCAACA	1.5E-04	2947026	+	122
96	ATATGAACA	8.1E-04	659544	+	-237
96	TGATTCACA	3.4E-04	659575	+	-206
96	TTATGCACA	5.9E-05	659778	+	-3
96	TTATTCATA	1.0E-03	659989	-	208
96	TTGTCACCA	8.1E-04	660150	+	369
97	TTATTCACC	8.7E-04	533438	-	-391
97	TTTTCCACA	4.3E-05	533523	-	-306
97	TAATAAACA	1.5E-03	533612	-	-217
97	TTTTAAACA	1.0E-03	533806	+	-23
97	TCATCCACA	5.9E-05	533817	+	-12
97	TTTCCAACA	1.5E-03	533913	-	84
97	TTCTCCACA	2.6E-04	533980	-	151
97	TTATTTACA	1.3E-03	534165	-	336
98	TTCTTAACA	1.5E-03	584999	-	-220
98	TTATTCTCA	1.4E-03	585105	-	-114
98	ATATCCCCA	5.2E-04	585213	-	-6
98	TGATCCACA	1.3E-04	585225	-	6
98	TTATCCATA	4.9E-04	585258	-	39
98	TCATACACA	4.3E-04	585529	+	310
98	ATTTCCACA	2.3E-04	585544	+	325
99	TTTTTCCCA	1.4E-03	2860335	+	-163
99	TTATTAACA	7.3E-05	2860469	-	-29
99	TTATACACA	5.9E-05	2860518	+	20
99	TTCTCCACA	2.6E-04	2860786	+	288
100	TTATCAACA	2.3E-05	3664578	-	5
100	ACG TTCACA	1.3E-03	3664790	-	217
101	TTATGAACA	1.9E-04	1518956	+	-370
101	TTATCACCA	3.9E-04	1518983	+	-343
101	TTATACACA	5.9E-05	1519273	-	-53
101	TAATACACA	5.7E-04	1519342	-	16
102	TTATTCACA	1.6E-05	2572747	+	-16
102	TTATCCATA	4.9E-04	2572925	+	162

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
103	TTATCAACA	2.3E-05	3661152	+	-1
103	TTATCAACC	1.0E-03	3661173	-	20
103	TTTTGAACA	9.6E-04	3661368	-	215
104	TCGTCCACA	1.5E-04	1096308	-	-90
104	AAATCAACA	1.1E-03	1096404	-	6
104	TTGTTCACA	4.3E-05	1096424	+	26
104	TCTTCAACA	9.6E-04	1096730	+	332
104	TTGTCCACA	9.3E-06	1096790	+	392
105	TTTTTAACA	4.3E-04	3599544	+	-118
105	TCATCCACA	5.9E-05	3599670	+	8
105	ACATCCACA	2.6E-04	3599720	+	58
106	TTCTTAACA	1.5E-03	1657089	-	-375
106	ATATTAACA	3.4E-04	1657125	-	-339
106	ATTTCAACA	7.0E-04	1657141	-	-323
106	TGATCAACA	4.3E-04	1657448	+	-16
106	TTGTCCACA	9.3E-06	1657471	+	7
106	TGATCAACA	4.3E-04	1657493	-	29
106	TTATTCACC	8.7E-04	1657817	+	353
107	TTACCAACA	3.9E-04	1866389	-	-200
107	GCATCCACA	4.9E-04	1866477	+	-112
107	TTGTTCACA	4.3E-05	1866585	+	-4
107	TATTCAACA	1.3E-03	1866632	-	43
107	TAATGCACA	5.2E-04	1866714	+	125
107	TTATTTACA	1.3E-03	1866856	-	267
108	TGGTCCACA	2.9E-04	2711790	-	-176
108	TTATACACA	5.9E-05	2711961	+	-5
108	ATTTACACA	1.4E-03	2712144	-	178
108	ACATGCACA	1.4E-03	2712163	-	197
109	TCTTCCACA	3.4E-04	4110576	+	-67
109	TTATTA ACT	1.0E-03	4110596	-	-47
109	TTATTC ACT	4.3E-04	4110654	+	11
109	TTCTTAACA	1.5E-03	4110769	+	126
109	ATTTTAACA	1.5E-03	4110825	-	182
109	TCATTAACA	4.6E-04	4110898	+	255
110	TGATCAACA	4.3E-04	3300863	-	-113
110	GTTTTCAACA	1.0E-03	3300952	+	-24
110	TTGTAAACA	4.6E-04	3300962	-	-14
110	TAATACACA	5.7E-04	3300973	-	-3
110	CTGTCAACA	3.4E-04	3301173	-	197
111	TTATAAACA	2.0E-04	4015025	+	4
111	TTTTTCCCA	1.4E-03	4015334	+	313
112	CGATCCACA	6.2E-04	121546	-	-170
112	ATATTAACA	3.4E-04	121690	-	-26
112	ATATCACCA	1.4E-03	122072	+	356
113	ATATCGACA	1.3E-03	3659098	+	-321
113	TCTTCAACA	9.6E-04	3659305	-	-114

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
113	ATTTTAACA	1.5E-03	3659318	-	-101
113	CTATTCACA	1.1E-04	3659421	+	2
113	ATGTTAACA	7.0E-04	3659439	+	20
113	ATTTCCACA	2.3E-04	3659513	+	94
113	TTGCTAACA	1.5E-03	3659697	+	278
113	TTATTCAGA	1.4E-03	3659806	+	387
114	ATATCCACT	7.0E-04	2611132	+	-176
114	TTATTCACA	1.6E-05	2611269	-	-39
114	ACATCAACA	8.1E-04	2611321	+	13
114	TTAATCACA	4.3E-04	2611341	-	33
114	TTATCAATA	1.2E-03	2611364	+	56
114	CCATCAACA	8.7E-04	2611475	+	167
115	TAATAAACA	1.5E-03	3661958	+	-193
115	CTATTAACA	3.9E-04	3662026	+	-125
115	TTATTTACA	1.3E-03	3662051	+	-100
115	TTGCCAACA	8.1E-04	3662183	-	32
115	TTGTCCACC	8.1E-04	3662196	+	45
115	TTATTCTCA	1.4E-03	3662210	-	59
115	TTTTCCACT	8.7E-04	3662295	-	144
116	GTTTTCAACA	1.0E-03	3442609	-	-254
116	TTCTCAACA	7.0E-04	3442887	+	24
116	ATTTTCACA	5.7E-04	3442959	-	96
116	TCTTTCACA	8.1E-04	3443247	+	384
117	ATGTCCACA	9.3E-05	2128220	+	-94
117	CTGTTCACA	2.6E-04	2128303	-	-11
117	CTTTCCACA	2.9E-04	2128378	+	64
118	CTGTGCACA	7.0E-04	548092	-	-24
118	TTATGAACA	1.9E-04	548173	-	57
118	TCCTCCACA	1.3E-03	548400	+	284
119	TTTTCAACA	1.7E-04	108396	-	-337
119	TTTTTAACA	4.3E-04	108652	-	-81
119	ATACCAACA	1.3E-03	108721	-	-12
119	TTAATAACA	1.1E-03	108779	+	46
119	CTATCCACT	8.1E-04	108873	-	140
120	TTGTCCAGA	1.4E-03	2560487	-	-151
120	TTCTTAACA	1.5E-03	2560532	+	-106
120	TTTTTAACA	4.3E-04	2560555	+	-83
120	TCATCAACA	1.9E-04	2560710	+	72
120	ATGTCCCA	1.1E-03	2560928	+	290
121	TTATACACT	9.6E-04	2182564	+	-8
121	TAGTCAACA	5.7E-04	2182763	-	191
121	TTATTAACT	1.0E-03	2182910	+	338
122	TGGTCAACA	8.7E-04	618442	-	-76
122	TTGTAAACA	4.6E-04	618534	-	16
122	TTATACACA	5.9E-05	618554	-	36
123	TTCTTAACA	1.5E-03	2201801	+	-390

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
123	TAATCCACT	1.3E-03	2201976	+	-215
123	ATGTCAACA	2.9E-04	2201995	+	-196
123	TTATTCAGA	1.4E-03	2202176	-	-15
123	TTTTCAACA	1.7E-04	2202323	-	132
123	CAATCAACA	1.2E-03	2202544	-	353
124	TGATCAACA	4.3E-04	2321951	+	-286
124	GTGTCCACA	2.0E-04	2322223	+	-14
124	CTTTCAACA	8.1E-04	2322267	-	30
125	TTGTCCCCA	2.9E-04	4164819	-	-306
125	TCATCAACA	1.9E-04	4165055	-	-70
125	ATTTGCACA	1.3E-03	4165178	-	53
125	TTATCAATA	1.2E-03	4165297	+	172
126	TCATCAACA	1.9E-04	3845937	+	-37
126	CTTTCCACA	2.9E-04	3845958	-	-16
126	ATGTTCACA	2.3E-04	3845981	+	7
126	TTTTCCACA	4.3E-05	3846115	-	141
127	TTATTCACA	1.6E-05	1922149	-	-4
127	ATTTACACA	1.4E-03	1922205	-	52
127	CTATTAACA	3.9E-04	1922253	-	100
127	TTTTTAACA	4.3E-04	1922414	-	261
128	TTTTTAACA	4.3E-04	2697489	-	-269
128	ATATGAACA	8.1E-04	2697700	-	-58
128	AAATCCACA	4.3E-04	2697754	+	-4
128	TTATAAACA	2.0E-04	2697783	+	25
128	TTTTTAACA	4.3E-04	2697892	-	134
128	TTTTCAACA	1.7E-04	2697941	+	183
128	TCATGAACA	1.0E-03	2698136	+	378
129	ACATGCACA	1.4E-03	2193956	-	-349
129	TTGTTAACA	1.7E-04	2194263	+	-42
129	AAATCAACA	1.1E-03	2194302	-	-3
129	TTATCCACT	1.7E-04	2194414	-	109
129	ATTTCCACA	2.3E-04	2194693	+	388
130	GTTTCAACA	1.2E-03	1320347	+	-382
130	TTGTCCATA	1.0E-03	1320361	-	-368
130	TAATGAACA	1.4E-03	1320607	+	-122
130	TCTTTCACA	8.1E-04	1320616	-	-113
130	TAATACACA	5.7E-04	1320714	+	-15
130	TTTTCAACA	1.7E-04	1320850	+	121
130	TTATCAACC	1.0E-03	1320946	-	217
130	TCTTTCACA	8.1E-04	1320979	+	250
130	TAATGAACA	1.4E-03	1321113	+	384
131	TTGTCTACA	1.3E-03	2707153	+	11
132	ACGTCAACA	1.5E-03	3217453	+	-107
132	TTATCAACA	2.3E-05	3217566	-	6
132	ATACTCACA	1.1E-03	3217808	+	248
133	GTATAAACA	1.3E-03	1517267	+	-337

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
133	ATGTCAACA	2.9E-04	1517584	-	-20
133	TCATCAACA	1.9E-04	1517775	-	171
134	TTATTAACA	7.3E-05	1016150	-	-39
134	TCTTCCACA	3.4E-04	1016185	+	-4
134	TTATTCACA	1.6E-05	1016326	+	137
134	TTTTGAACA	9.6E-04	1016474	-	285
135	GTATTCACA	2.0E-04	1956219	-	-60
135	TTTTCAACA	1.7E-04	1956293	-	14
135	GCATCAACA	1.3E-03	1956330	+	51
136	CTATCCCA	5.7E-04	2629490	+	-4
136	TTATCCTCA	6.2E-04	2629564	+	70
136	TACTAACA	8.1E-04	2629579	+	85
137	ATATCAACA	1.3E-04	635872	+	-1
137	TTGCTAACA	1.5E-03	635898	-	25
138	TTATCTACA	6.2E-04	803657	-	-162
138	TTAATAACA	1.1E-03	803833	+	14
138	TTAATAACA	1.1E-03	803894	-	75
138	TTTTAAACA	1.0E-03	803983	+	164
139	TAATAAACA	1.5E-03	3649040	+	-138
139	TCATAAACA	1.1E-03	3649091	+	-87
139	TAATCCACA	8.2E-05	3649177	+	-1
139	CTGTCAACA	3.4E-04	3649280	+	102
140	TTATTCAGA	1.4E-03	949018	+	-91
140	TTATCCACA	5.3E-06	949114	-	5
141	TCATTCACA	1.5E-04	3171557	-	-183
141	TTATCACCA	3.9E-04	3171773	-	33
141	TTACCCCA	1.3E-03	3171791	+	51
141	TGATTAACA	8.7E-04	3172088	+	348
142	ATATTAACA	3.4E-04	3469630	+	-38
142	TTATTGACA	8.1E-04	3469663	-	-5
142	TTGTCAACA	7.3E-05	3469850	+	182
143	TCATCAACA	1.9E-04	1439870	-	-20
143	ATATTCACA	9.3E-05	1439950	+	60
144	ATATAAACA	8.7E-04	2702719	-	-388
144	TCATCAACA	1.9E-04	2702814	+	-293
144	TTATTCACA	1.6E-05	2703102	+	-5
144	ATACCAACA	1.3E-03	2703199	+	92
144	ATTTTAACA	1.5E-03	2703301	-	194
145	ATATCCACT	7.0E-04	4062483	+	-139
145	TCATGCACA	4.3E-04	4062574	+	-48
145	TCATAAACA	1.1E-03	4062643	+	21
145	ATATCAACA	1.3E-04	4062944	+	322
146	CTATCCACC	1.5E-03	2235196	-	-140
146	ACATTCACA	6.2E-04	2235290	+	-46
146	ATAATCACA	1.5E-03	2235350	+	14
146	TTGTCCAGA	1.4E-03	2235399	+	63

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
146	CTTTTCACA	6.2E-04	2235456	-	120
146	TTGTGCACA	1.5E-04	2235631	-	295
147	GCATCAACA	1.3E-03	2427734	+	-336
147	TTAATAACA	1.1E-03	2427986	+	-84
147	TTAAACACA	1.0E-03	2428019	+	-51
147	ATTTCCACA	2.3E-04	2428075	-	5
147	ATGTTTACA	2.3E-04	2428124	+	54
147	CTATGAACA	8.7E-04	2428221	-	151
147	TTGCCAACA	8.1E-04	2428353	-	283
147	TTTTTCACA	1.3E-04	2428373	+	303
148	GTTTCAACA	1.2E-03	2018279	-	-310
148	TTATGAACA	1.9E-04	2018584	-	-5
148	ATTTTAAACA	1.5E-03	2018671	+	82
148	CCATCAACA	8.7E-04	2018911	-	322
149	GTTTTTACA	1.0E-03	1110867	+	-289
149	AAATCAACA	1.1E-03	1110891	-	-265
149	TTATCTACA	6.2E-04	1110935	-	-221
149	CTATCCCCA	5.7E-04	1111165	+	9
149	TTATCCCCA	1.3E-04	1111250	-	94
149	TGTTTTACA	1.4E-03	1111474	+	318
150	GTATCAACA	2.3E-04	2680128	+	-167
150	TTATTCACA	1.6E-05	2680300	-	5
150	AAATCCACA	4.3E-04	2680310	-	15
150	TTTTAAACA	1.0E-03	2680530	-	235
150	TCATAAACA	1.1E-03	2680557	+	262
151	TTATCCAGA	7.0E-04	2691714	+	-356
151	GTATCCACT	1.1E-03	2691864	+	-206
151	TCATCCACA	5.9E-05	2692065	+	-5
151	TTATTTACA	1.3E-03	2692410	+	340
152	CTTTTCACA	6.2E-04	1579899	-	39
152	TTTCCCACA	6.2E-04	1580123	-	263
153	TTATGAACA	1.9E-04	532779	+	9
153	TTATCCTCA	6.2E-04	532837	-	67
154	TTATCTACA	6.2E-04	2216934	+	-382
154	TTATTGACA	8.1E-04	2217039	-	-277
154	TGATCAACA	4.3E-04	2217153	+	-163
154	AAATCAACA	1.1E-03	2217194	+	-122
154	TTATTAACA	7.3E-05	2217323	+	7
154	TAGTTAACA	1.3E-03	2217401	-	85
154	AAATCAACA	1.1E-03	2217422	+	106
154	TGTTTTACA	1.4E-03	2217559	-	243
154	TCTTCAACA	9.6E-04	2217598	-	282
155	TTTTGCACA	3.9E-04	725017	+	-257
155	ATTTGCACA	1.3E-03	725144	-	-130
155	GTATCAACA	2.3E-04	725381	+	107
155	TCATCAACA	1.9E-04	725572	-	298

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
156	CTTTTCACA	6.2E-04	2980332	+	-258
156	TTATACACA	5.9E-05	2980570	-	-20
157	TTGACCACA	4.3E-04	1424517	+	-186
157	TTGTGCACA	1.5E-04	1424617	-	-86
157	TTATTTACA	1.3E-03	1424647	+	-56
157	TTATCAACA	2.3E-05	1424731	-	28
157	TAATAAACA	1.5E-03	1424946	+	243
157	GAATTCACA	1.5E-03	1424992	+	289
158	TTTTAAACA	1.0E-03	1900103	+	-78
158	TCATCCACA	5.9E-05	1900179	-	-2
158	ATCTCCACA	1.0E-03	1900212	-	31
158	TTATACCCA	8.1E-04	1900404	+	223
159	AAATCAACA	1.1E-03	4009637	-	-134
159	GAATTCACA	1.5E-03	4009723	-	-48
159	TTATCAACA	2.3E-05	4009854	-	83
160	TTTTTCCCA	1.4E-03	349442	+	-35
160	TTATTAACA	7.3E-05	349483	+	6
160	CTGTTAACA	8.1E-04	349494	+	17
160	TTATTCACC	8.7E-04	349843	+	366
161	TTATCAACA	2.3E-05	2195488	-	6
161	TTATCAATA	1.2E-03	2195728	-	246
162	ATTTTAACA	1.5E-03	4109359	+	-253
162	TTGTAAACA	4.6E-04	4109554	-	-58
162	ATATTAACA	3.4E-04	4109735	-	123
163	TTATACACA	5.9E-05	539626	-	-8
163	TTATTAACA	7.3E-05	539783	+	149
163	ATTTACACA	1.4E-03	539875	+	241
164	TTGTCAACA	7.3E-05	3156883	+	8
164	TGATGCACA	8.1E-04	3156933	-	58
164	TGATACACA	8.7E-04	3157046	-	171
164	ATGACCACA	1.5E-03	3157144	+	269
165	CTTTGCACA	1.4E-03	3744277	+	-377
165	GTGTCAACA	5.2E-04	3744521	-	-133
165	TGATTAACA	8.7E-04	3744608	-	-46
165	TTGTCAACA	7.3E-05	3744663	+	9
166	GTTTTCACA	1.0E-03	1293174	+	-249
166	CTTTCAACA	8.1E-04	1293199	+	-224
166	TTATGCACA	5.9E-05	1293398	-	-25
166	TCGTACACA	8.7E-04	1293448	-	25
166	TTATCAACT	4.9E-04	1293690	+	267
167	TCTTCCACA	3.4E-04	2752027	+	-65
167	TGATACACA	8.7E-04	2752062	-	-30
167	ATATCCACC	1.4E-03	2752143	+	51
167	TTGTAAACA	4.6E-04	2752162	+	70
167	ATTTGCACA	1.3E-03	2752196	-	104
168	TTATTCTCA	1.4E-03	2102967	+	-87

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
168	CGATTCACA	1.4E-03	2103013	-	-41
168	TTTTCCACT	8.7E-04	2103051	+	-3
168	TAATCCACA	8.2E-05	2103072	-	18
168	TCTTCCACA	3.4E-04	2103246	-	192
169	AAATCAACA	1.1E-03	1585390	+	5
169	CAATCCACA	4.6E-04	1585408	+	23
170	TCATCAACA	1.9E-04	3203409	+	-299
170	TAGTACACA	1.2E-03	3203500	-	-208
170	GTATAAACA	1.3E-03	3203640	-	-68
170	TTATGCACA	5.9E-05	3203715	+	7
170	GTATGAACA	1.3E-03	3203879	+	171
170	TCATTCCCA	1.5E-03	3203983	+	275
171	TTATCCTCA	6.2E-04	3403582	-	-320
171	GTTTCAACA	1.2E-03	3403861	-	-41
171	TTATAAACA	2.0E-04	3403891	-	-11
171	TCGTCAACA	4.3E-04	3403933	-	31
171	TTTTTCACA	1.3E-04	3404109	+	207
172	TTTTGCACA	3.9E-04	1476926	-	-335
172	TTTTCAACA	1.7E-04	1477129	+	-132
172	TTATTCTCA	1.4E-03	1477173	-	-88
172	TTATCAACT	4.9E-04	1477265	-	4
173	TTATTCACT	4.3E-04	4153486	+	-23
173	TTATCAATA	1.2E-03	4153527	+	18
173	TTATTCACT	4.3E-04	4153710	+	201
173	TTATTCCCA	2.9E-04	4153768	+	259
173	TAATAAACA	1.5E-03	4153812	-	303
174	AAATTCACA	9.6E-04	3703433	+	-268
174	ATATTCACA	9.3E-05	3703689	+	-12
174	ATGTCCACA	9.3E-05	3703699	-	-2
175	TTATTCACA	1.6E-05	3896458	+	5
175	TTTACCACA	9.6E-04	3896553	+	100
175	CTTTTCACA	6.2E-04	3896639	+	186
176	TTGATCACA	8.7E-04	1448917	+	-206
176	TTATGAACA	1.9E-04	1449115	+	-8
176	AAATTCACA	9.6E-04	1449132	+	9
176	TTTTTCCCA	1.4E-03	1449321	-	198
176	TCTTCAACA	9.6E-04	1449496	-	373
177	TCGTCAACA	4.3E-04	974617	-	-330
177	TTATACACA	5.9E-05	974940	-	-7
177	TGATCAACA	4.3E-04	974984	-	37
177	ATTTGCACA	1.3E-03	975234	-	287
177	TTTTTCCCA	1.4E-03	975294	-	347
178	CTATAAACA	9.6E-04	329365	+	-393
178	TTATGAACA	1.9E-04	329660	-	-98
178	TATTTCAACA	1.1E-03	329722	-	-36
178	TTATTTACA	1.3E-03	329796	-	38

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
178	ATGACCACA	1.5E-03	329883	-	125
178	TTATTTACA	1.3E-03	329895	-	137
179	TTTTGAACA	9.6E-04	1553712	+	-63
179	TCTTCCACA	3.4E-04	1553769	-	-6
180	TCACTCACA	1.4E-03	3826837	+	-210
180	ATGTCCACA	9.3E-05	3826964	+	-83
180	TTAATCACA	4.3E-04	3827052	-	5
180	TTGTAAACA	4.6E-04	3827147	+	100
180	TTATGCACA	5.9E-05	3827228	-	181
180	TTATTCACG	8.7E-04	3827436	-	389
181	TCATAAACA	1.1E-03	2135891	+	-141
181	TTATAAACA	2.0E-04	2135999	+	-33
181	ATTTCAACA	7.0E-04	2136020	+	-12
181	TCATAAACA	1.1E-03	2136033	+	1
181	GTATAAACA	1.3E-03	2136164	+	132
181	ATTTACACA	1.4E-03	2136265	+	233
181	GTATGAACA	1.3E-03	2136366	-	334
182	TTGTTTACA	4.3E-05	3964981	+	-334
182	GCATCCACA	4.9E-04	3965273	-	-42
182	TTATTCACC	8.7E-04	3965299	+	-16
182	TTATCAACA	2.3E-05	3965326	+	11
183	TTTCTCACA	1.3E-03	2349975	-	-392
183	TTATACACA	5.9E-05	2350359	+	-8
183	TTATGCACT	9.6E-04	2350516	+	149
184	ATATCAACA	1.3E-04	1501991	-	-36
184	GTATACACA	5.2E-04	1502000	-	-27
184	GTATAAACA	1.3E-03	1502099	+	72
184	TTGTTCCCA	6.2E-04	1502239	-	212
185	CCGTTTACA	1.4E-03	4041268	-	-289
185	CTGTCCCCA	1.3E-03	4041478	+	-79
185	TTGTGCACA	1.5E-04	4041553	+	-4
185	TCGTTTACA	3.4E-04	4041605	-	48
185	TAATGAACA	1.4E-03	4041760	-	203
185	CTATGCACA	3.4E-04	4041878	+	321
186	TTTTCAACA	1.7E-04	1532773	+	-49
186	CTATCAACA	1.5E-04	1532800	-	-22
186	TTATGCACA	5.9E-05	1532922	+	100
187	TTATTAACA	7.3E-05	2131091	-	-158
187	TTTCCAACA	1.5E-03	2131149	+	-100
187	TAATTCACA	2.1E-04	2131278	+	29
187	TTTTTAACA	4.3E-04	2131350	-	101
188	CTGTTTACA	2.6E-04	662555	+	-367
188	TTGTTAACA	1.7E-04	662916	-	-6
188	TCTTCAACA	9.6E-04	662939	-	17
188	CCGTTTACA	1.4E-03	663027	-	105
189	TTTTCCACA	4.3E-05	3433037	+	-7

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
189	TCGTTAACA	9.6E-04	3433154	+	110
190	AGATCAACA	1.4E-03	2225860	+	-37
190	TTATCAACA	2.3E-05	2225908	-	11
191	TTATCGACA	3.9E-04	3552100	-	-239
191	GTATACACA	5.2E-04	3552121	-	-218
191	CTATTCACT	1.5E-03	3552197	+	-142
191	TTATTAACA	7.3E-05	3552351	-	12
191	CTATAAACA	9.6E-04	3552373	-	34
191	ATATCAACA	1.3E-04	3552709	-	370
192	TAATCAACA	2.6E-04	2238719	+	-5
193	TTTTCAACA	1.7E-04	944651	-	-34
194	CTGTCCACA	1.1E-04	3282448	-	5
195	TTATCAACT	4.9E-04	1293690	+	-302
195	TTATGCACA	5.9E-05	1293985	+	-7
195	ATTTACACA	1.4E-03	1294015	+	23
195	TAACCCACA	1.0E-03	1294164	-	172
196	AGATTCACA	1.2E-03	2251869	-	-297
196	TTTTGAACA	9.6E-04	2251965	+	-201
196	AAATCAACA	1.1E-03	2251986	-	-180
196	TTATTAACA	7.3E-05	2252163	+	-3
196	TTATAAACA	2.0E-04	2252220	+	54
196	TTGCTCACA	6.2E-04	2252301	+	135
197	TTTTTCCCA	1.4E-03	1326847	-	-106
197	CTGCCACA	1.2E-03	1326884	+	-69
197	TTATCCACA	5.3E-06	1326948	-	-5
197	TAATGAACA	1.4E-03	1326984	+	31
197	TTTTCGACA	1.5E-03	1327179	-	226
197	TGTTTCACA	1.4E-03	1327188	-	235
198	CCGTTTACA	1.4E-03	3694078	-	-367
198	TTGTCCTCA	1.3E-03	3694160	-	-285
198	TTGTCCACA	9.3E-06	3694439	-	-6
198	TTATCGACA	3.9E-04	3694498	+	53
198	TTATTTACA	1.3E-03	3694576	-	131
199	GCATCAACA	1.3E-03	3385806	-	-350
199	TTATCAACA	2.3E-05	3386162	+	6
199	TTATCCACT	1.7E-04	3386186	+	30
200	ATATCAACA	1.3E-04	4001344	+	-13
200	ATATTCACT	1.4E-03	4001357	+	0
200	TTCCAACA	1.5E-03	4001410	+	53
200	TTCCAACA	1.5E-03	4001704	+	347
201	GCATTCACA	1.1E-03	2190181	-	-240
201	TAATACACA	5.7E-04	2190343	-	-78
201	TTGCTCACA	6.2E-04	2190556	-	135
201	TTTTGAACA	9.6E-04	2190591	+	170
202	TTTTTCACA	1.3E-04	1885202	+	-347
202	TCATTAACA	4.6E-04	1885314	-	-235

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
202	GTATACACA	5.2E-04	1885470	+	-79
202	TTATCAACG	1.0E-03	1885545	+	-4
202	TAAACACA	1.0E-03	1885645	+	96
202	TTATCAATA	1.2E-03	1885812	+	263
203	TAAACCACA	1.3E-03	1970674	+	-202
203	TTATACACT	9.6E-04	1970979	+	103
203	TGATGCACA	8.1E-04	1971014	-	138
204	TAATGAACA	1.4E-03	2576599	-	-347
204	ACATCCACA	2.6E-04	2576679	-	-267
204	TTTTCGACA	1.5E-03	2576697	-	-249
204	ACATCAACA	8.1E-04	2576951	+	5
204	CGATCCACA	6.2E-04	2576975	+	29
204	ATATCAACA	1.3E-04	2577018	-	72
205	TTATAAACA	2.0E-04	513884	-	-387
205	TATTTTCAACA	1.1E-03	513930	+	-341
205	CTATTCACA	1.1E-04	514192	-	-79
205	CAATTCACA	1.0E-03	514399	+	128
205	ACATCAACA	8.1E-04	514471	-	200
206	TTTTAAACA	1.0E-03	1251877	-	-271
206	ATTTTCACA	5.7E-04	1252044	-	-104
206	TCATTCACA	1.5E-04	1252128	-	-20
206	ATTTCAACA	7.0E-04	1252523	+	375
207	ATATCCACA	2.8E-05	3104291	-	-7
207	ATATCAACA	1.3E-04	3104315	-	17
208	TTCTTAACA	1.5E-03	2241302	-	-314
208	TTATCAACT	4.9E-04	2241516	+	-100
208	TTAATCACA	4.3E-04	2241611	-	-5
208	AAATTCACA	9.6E-04	2241836	-	220
209	TCGTTCACA	3.4E-04	1413887	-	-284
209	TTGTAAACA	4.6E-04	1414148	-	-23
209	TAATGCACA	5.2E-04	1414175	+	4
210	CAATCAACA	1.2E-03	592260	-	-126
210	ATTTTAACA	1.5E-03	592312	-	-74
210	CTATACACA	3.4E-04	592332	-	-54
210	ATGTCAACA	2.9E-04	592394	-	8
210	ACTTCCACA	1.3E-03	592519	-	133
210	TTTTCAACA	1.7E-04	592608	-	222
210	TTATTAACA	7.3E-05	592770	+	384
211	TTATTCACG	8.7E-04	2148135	-	-216
211	GTATACACA	5.2E-04	2148209	-	-142
211	TTATCAACA	2.3E-05	2148407	+	56
211	ATAATCACA	1.5E-03	2148435	-	84
212	TTGACAACA	1.0E-03	3959869	+	-97
212	TTGTCCACA	9.3E-06	3959991	-	25
212	TATTCACA	1.3E-03	3960173	+	207
213	TTTTAAACA	1.0E-03	2465624	+	-164

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
213	TTATTCATA	1.0E-03	2465760	+	-28
213	TTATGCACA	5.9E-05	2465782	+	-6
213	TTCTTCACA	5.7E-04	2465836	+	48
213	TTATCCACC	3.9E-04	2465969	-	181
214	TTTTCCACA	4.3E-05	2197745	-	-20
214	CTTTCCACA	2.9E-04	2197796	-	31
214	ATTTCCACA	2.3E-04	2198003	+	238
214	TTATTCATA	1.0E-03	2198104	-	339
215	TTATCAATA	1.2E-03	515207	+	-27
215	TTTTGAACA	9.6E-04	515226	-	-8
215	TAATTCACA	2.1E-04	515295	+	61
215	TTATAAACA	2.0E-04	515531	+	297
216	TGATTAACA	8.7E-04	2693602	+	16
216	TTGTCCCCA	2.9E-04	2693620	-	34
216	TTATTA ACT	1.0E-03	2693629	-	43
216	TGGTCCACA	2.9E-04	2693855	-	269
216	TTGTCTACA	1.3E-03	2693890	-	304
217	GCATCAACA	1.3E-03	3957189	-	-60
217	TAATTCACA	2.1E-04	3957305	+	56
217	TATTTTCAACA	1.1E-03	3957340	+	91
217	ACATCAACA	8.1E-04	3957560	+	311
218	CAATCAACA	1.2E-03	1248015	-	-68
218	TAATAAACA	1.5E-03	1248031	-	-52
218	TTTTCAACA	1.7E-04	1248094	+	11
218	TTGTCCACT	3.9E-04	1248208	+	125
218	TTTTGAACA	9.6E-04	1248298	-	215
218	GTGTCAACA	5.2E-04	1248417	-	334
218	TTGTCACCA	8.1E-04	1248429	-	346
219	ATATCCACA	2.8E-05	1854429	-	4
219	GTATGCACA	4.9E-04	1854534	+	109
220	ATTTTAAACA	1.5E-03	2994139	+	-213
220	CCGTTTCAACA	1.4E-03	2994193	+	-159
220	GTATTCACA	2.0E-04	2994207	-	-145
220	GTATCAACA	2.3E-04	2994358	+	6
220	ATATCAACA	1.3E-04	2994397	+	45
220	TTATCAATA	1.2E-03	2994474	-	122
221	TTATCCACG	3.9E-04	1884306	-	-15
221	TTTACCACA	9.6E-04	1884411	+	90
221	TAATGAACA	1.4E-03	1884548	-	227
222	ATATTCACT	1.4E-03	1462402	-	-43
222	TCATAAACA	1.1E-03	1462500	-	55
222	TTATTA ACT	1.0E-03	1462703	+	258
223	TTTTAAACA	1.0E-03	2185441	-	-377
223	TTTTAAACA	1.0E-03	2185529	-	-289
223	ATATGCACA	2.9E-04	2185662	-	-156
223	CAATCAACA	1.2E-03	2185698	-	-120

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
223	TAATCAACA	2.6E-04	2185957	+	139
223	TTAGCCACA	8.7E-04	2186048	+	230
223	GTATAAACA	1.3E-03	2186206	+	388
224	TTATGAACA	1.9E-04	2250827	+	-97
224	TTGTTAACA	1.7E-04	2250931	-	7
225	ATATCACCA	1.4E-03	1200695	+	-136
225	TTGTCCACA	9.3E-06	1200837	-	6
225	TGACCCACA	1.3E-03	1200893	-	62
225	GTGTCAACA	5.2E-04	1201161	-	330
226	TAATGCACA	5.2E-04	1464723	+	-390
226	TTATTTACA	1.3E-03	1464798	-	-315
226	TTATTCAGA	1.4E-03	1464994	-	-119
226	TTTTTAACA	4.3E-04	1465108	-	-5
226	TTTTCCCA	6.2E-04	1465185	+	72
227	GTATTAACA	5.2E-04	1704697	-	48
227	TAATCAACA	2.6E-04	1704706	-	57
227	TTTTCAACA	1.7E-04	1705014	+	365
228	TTATTCATA	1.0E-03	3445357	+	-131
229	TTATTCACA	1.6E-05	1316949	+	-44
229	ACG TTCACA	1.3E-03	1317012	+	19
229	TTATTCACA	1.6E-05	1317074	-	81
230	ATATAAACA	8.7E-04	937924	+	-358
230	TTATAAACA	2.0E-04	937993	-	-289
230	TTGTTAACA	1.7E-04	938280	-	-2
231	TGATTCACA	3.4E-04	2926142	+	-171
231	ATGCCCACA	1.1E-03	2926187	-	-126
231	TTCTACACA	1.4E-03	2926325	+	12
231	TCATCCCA	7.0E-04	2926428	+	115
231	TTTTTCACA	1.3E-04	2926588	+	275
232	TTATGCACA	5.9E-05	2698680	+	71
232	AAATCAACA	1.1E-03	2698956	-	347
233	TTATTCACA	1.6E-05	1427359	-	4
233	ATAACCACA	8.1E-04	1427473	+	118
233	ATTTTCACA	5.7E-04	1427649	-	294
234	ATTTACACA	1.4E-03	29907	-	-319
234	CTGTCAACA	3.4E-04	30131	-	-95
235	TCATTCACA	1.5E-04	2367586	+	-370
235	ATTTCAACA	7.0E-04	2367706	+	-250
235	TCTTCAACA	9.6E-04	2367883	+	-73
235	TTGTACACA	1.5E-04	2367935	-	-21
235	ATATCAACA	1.3E-04	2367961	+	5
235	CTTTCAACA	8.1E-04	2368066	+	110
235	GCATCAACA	1.3E-03	2368318	+	362
236	ATATCAACA	1.3E-04	2215322	+	-22
236	TGATCAACA	4.3E-04	2215544	+	200
236	TTATTCATA	1.0E-03	2215567	+	223

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
237	TCACCCACA	7.0E-04	451034	+	-31
237	TTATCCACT	1.7E-04	451095	-	30
238	ATATGCACA	2.9E-04	958674	-	-4
239	TTATCCTCA	6.2E-04	2154697	-	-250
239	CTATTCCCA	1.3E-03	2154829	+	-118
239	TTATCCCCA	1.3E-04	2154949	+	2
239	TGTTTCACA	1.4E-03	2155233	-	286
239	TTATCCGCA	9.6E-04	2155247	+	300
239	TTATCCAGA	7.0E-04	2155342	-	395
240	TTGTTCACT	8.7E-04	1203248	+	10
240	GTTTCCACA	4.6E-04	1203313	-	75
241	GTATGAACA	1.3E-03	2242203	+	-372
241	TAATCCACT	1.3E-03	2242397	+	-178
241	TTATGAACA	1.9E-04	2242572	-	-3
242	TTATTCACG	8.7E-04	2664602	+	-304
242	TTATCCACT	1.7E-04	2664632	-	-274
242	CAATCCACA	4.6E-04	2664889	-	-17
242	CTATAAACA	9.6E-04	2664955	+	49
242	TATTCAACA	1.3E-03	2665140	+	234
243	TTATTGACA	8.1E-04	2636781	-	-350
243	TCCTCCACA	1.3E-03	2636795	+	-336
243	TTATTTACA	1.3E-03	2637198	+	67
244	TTTTGAACA	9.6E-04	805557	+	-306
244	TAATCCCCA	1.0E-03	805793	-	-70
244	TTTCTCACA	1.3E-03	806067	-	204
245	GTATCAACA	2.3E-04	1840225	+	-137
245	TTATTCACA	1.6E-05	1840394	-	32
245	TTATACACT	9.6E-04	1840433	+	71
246	TTGCTCACA	6.2E-04	2829525	-	-184
246	TTATCCACA	5.3E-06	2829713	+	4
246	ACATCCACA	2.6E-04	2829737	+	28
246	TCAACCACA	1.0E-03	2829830	+	121
247	CTATCAACA	1.5E-04	3126161	-	-340
247	TTATACCCA	8.1E-04	3126302	+	-199
247	TCATCCACA	5.9E-05	3126472	+	-29
247	ATATGAACA	8.1E-04	3126499	-	-2
247	TTATTGACA	8.1E-04	3126531	-	30
247	CTGTCAACA	3.4E-04	3126582	-	81
248	TTCTTAACA	1.5E-03	1657089	-	-25
248	ATATTAACA	3.4E-04	1657125	-	11
248	ATTTCAACA	7.0E-04	1657141	-	27
248	TGATCAACA	4.3E-04	1657448	+	334
248	TTGTCCACA	9.3E-06	1657471	+	357
248	TGATCAACA	4.3E-04	1657493	-	379
249	GTATTCACA	2.0E-04	2126311	-	-8
250	TTATCCCCA	1.3E-04	639090	-	-47

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
250	TCGTACACA	8.7E-04	639145	-	8
250	TCTTCAACA	9.6E-04	639232	-	95
250	TGTTTCACA	1.4E-03	639526	+	389
251	ACATCCACA	2.6E-04	507938	-	-2
251	TTCTCCACA	2.6E-04	508096	-	156
251	TGGTCAACA	8.7E-04	508125	+	185
251	TGATACACA	8.7E-04	508195	-	255
252	TCTTCCACA	3.4E-04	3087587	-	-336
252	TTTTAAACA	1.0E-03	3087727	-	-196
252	TTTTCAACA	1.7E-04	3087868	-	-55
252	TGTTTCACA	1.4E-03	3087907	+	-16
252	TCATCCACA	5.9E-05	3087991	+	68
252	TTAATAACA	1.1E-03	3088102	+	179
252	ATGTCAACA	2.9E-04	3088282	+	359
253	TATTCACA	1.3E-03	4163764	+	-220
253	ATTTCAACA	7.0E-04	4163857	+	-127
253	TCGCCACA	1.4E-03	4163968	+	-16
253	TAGTCAACA	5.7E-04	4163981	-	-3
253	TTATTCACT	4.3E-04	4164103	-	119
253	TTGTTAACA	1.7E-04	4164127	-	143
254	TCATAAACA	1.1E-03	2278993	-	-300
254	TAATCAACA	2.6E-04	2279256	-	-37
254	TTATGAACA	1.9E-04	2279356	+	63
254	TTGTCAACT	1.0E-03	2279506	-	213
255	ATATTCCCA	1.2E-03	2243801	+	-217
255	ATGTGCACA	6.2E-04	2243988	-	-30
255	CTCTCCACA	1.1E-03	2244008	+	-10
255	AAATCCACA	4.3E-04	2244172	-	154
255	ATATCGACA	1.3E-03	2244376	+	358
255	TACTCACA	2.9E-04	2244409	-	391
256	TTACCCCA	1.3E-03	2084384	+	-89
256	TTGTTTACA	4.3E-05	2084517	+	44
256	TGATCAACA	4.3E-04	2084663	+	190
257	GAATTCACA	1.5E-03	2664325	+	-216
257	TAATAAACA	1.5E-03	2664446	+	-95
257	TTATTCACG	8.7E-04	2664602	+	61
257	TTATCCACT	1.7E-04	2664632	-	91
257	CAATCCACA	4.6E-04	2664889	-	348
258	TCTTTCACA	8.1E-04	2068617	+	-337
258	ATATTCACT	1.4E-03	2068636	+	-318
258	TAATTAACA	6.2E-04	2068852	+	-102
258	TTATTCACT	4.3E-04	2068949	-	-5
258	ATATACACA	2.9E-04	2069066	-	112
258	TTGCACACA	1.5E-03	2069213	-	259
259	TCATCCACT	9.6E-04	2188970	+	-102
259	TTAATAACA	1.1E-03	2188999	-	-73

peak	sequence	p_value	start	strand	bp to peak
259	CCATGCACA	1.5E-03	2189129	+	57
259	CTATTCACT	1.5E-03	2189186	+	114
260	TTATGCACA	5.9E-05	3701569	+	-120
260	TTATGCACA	5.9E-05	3701689	+	0
260	TTTTCCCCA	6.2E-04	3701836	+	147
261	TCATCCACA	5.9E-05	353931	-	-4
261	TCACCCACA	7.0E-04	354150	-	215
261	TTTTCCACT	8.7E-04	354221	+	286
262	TTATGAACA	1.9E-04	2921278	-	-90
262	CTATCCACA	3.2E-05	2921374	+	6
263	TGTTCCACA	7.0E-04	2144929	-	-345
263	CTATGAACA	8.7E-04	2144987	-	-287
263	TTCTTAACA	1.5E-03	2145008	+	-266
263	TTGTTAACA	1.7E-04	2145282	-	8
264	CTTTCAACA	8.1E-04	511026	+	-271
264	CTGTTCACA	2.6E-04	511137	-	-160
264	ATATCAACA	1.3E-04	511283	-	-14
264	ATATGCACA	2.9E-04	511313	-	16
265	CTGTCCCCA	1.3E-03	236843	-	-240
265	TTGTCCACA	9.3E-06	237087	-	4
265	TTCTTAACA	1.5E-03	237151	+	68
266	TTGTAAACA	4.6E-04	3377192	+	-169
266	CTATCCACA	3.2E-05	3377362	+	1
266	TTATCCAGA	7.0E-04	3377375	-	14
267	TTATTCATA	1.0E-03	1542498	+	-111
267	TTCTTAACA	1.5E-03	1542518	+	-91
267	TTGTTCACA	4.3E-05	1542596	+	-13
268	TAATTCACA	2.1E-04	2252657	+	-301
268	TTTTCCACA	4.3E-05	2252864	-	-94
268	CCATCAACA	8.7E-04	2252969	-	11
268	TGGTCAACA	8.7E-04	2253112	+	154
268	CCATCCACA	3.4E-04	2253194	-	236
269	ACTTCCACA	1.3E-03	1890706	-	-223
269	TAATTAACA	6.2E-04	1890782	-	-147
269	ATATCAACA	1.3E-04	1890936	+	7