

Domain	TF	Binding Energy Matrix										
AP2	CBF1	A	0.42	0.38	1.87	5.7	0.0	6.62	2.31	2.93	4.59	0.3
		C	0.71	1.79	2.1	0.0	3.95	0.0	3.54	3.06	4.66	0.0
		G	0.0	0.0	1.81	4.84	5.75	3.39	0.0	2.94	0.0	0.36
		T	0.87	2.0	0.0	6.6	4.77	3.13	6.75	0.0	2.76	0.14
ARID	ARID3A	A	0.25	0.98	1.49	2.05	0.0	0.0	7.08	0.35	0.1	0.12
		C	0.72	1.02	1.69	1.86	1.7	2.99	7.81	0.46	0.0	0.3
		G	0.54	1.59	1.94	2.88	0.16	3.9	8.14	1.24	0.26	0.0
		T	0.0	0.0	0.0	0.0	0.46	3.11	0.0	0.0	0.21	0.41
C6	RDS2	A	0.33	0.04	1.19	2.6	5.27	3.5	0.05	0.0	0.0	0.11
		C	0.0	0.0	1.8	0.0	2.46	2.5	1.67	0.32	0.38	0.32
		G	0.13	0.26	1.34	3.85	0.0	0.0	0.0	0.2	0.42	0.46
		T	0.0	0.1	0.0	5.23	6.62	3.12	1.63	0.4	0.03	0.0
CC	RARA	A	0.29	0.38	3.04	2.06	0.0	1.57	2.26	2.08	0.74	0.23
		C	0.0	0.42	1.4	2.41	1.83	0.0	0.0	0.14	0.0	0.38
		G	0.04	0.0	4.27	0.0	2.41	9.49	8.03	1.27	0.68	0.19
		T	0.26	0.28	0.0	3.17	2.44	5.46	3.45	0.0	0.13	0.0
CH	SP4	A	0.73	0.03	3.14	1.54	3.87	7.87	5.63	0.47	1.68	0.51
		C	0.0	0.0	0.0	3.37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.46
		G	1.21	3.06	3.97	0.0	4.7	4.47	6.34	3.48	1.68	1.1
		T	0.61	3.1	3.38	1.44	3.94	5.67	1.64	1.56	0.75	0.0
ETS	ETV4	A	0.0	2.44	0.93	4.05	7.01	6.05	4.94	2.35	1.0	0.26
		C	1.7	0.0	3.12	4.59	0.0	0.0	3.52	1.27	0.51	0.0
		G	0.61	1.59	2.6	4.93	6.48	8.28	0.0	0.0	1.32	0.15
		T	1.53	0.63	0.0	0.0	6.51	6.78	1.81	1.82	0.0	0.08
GCM	GCM1	A	0.0	4.76	5.27	1.8	1.76	5.92	0.0	2.42	0.2	0.07
		C	1.62	0.0	0.0	0.0	1.18	0.0	2.82	1.13	0.0	0.11
		G	0.3	7.43	5.86	2.94	0.0	1.5	2.38	1.24	0.07	0.22
		T	1.51	6.11	7.64	2.5	1.45	0.69	2.37	0.0	0.41	0.0
HMG	LEF1	A	1.18	2.15	1.82	2.96	2.26	2.18	0.0	0.78	1.28	0.98
		C	0.0	0.0	2.07	2.3	4.63	1.64	4.68	3.47	0.0	0.94
		G	0.8	1.2	4.27	2.67	4.14	0.0	3.42	2.78	0.14	1.32
		T	0.34	1.18	0.0	0.0	0.0	1.87	1.98	0.0	1.41	0.0

LIM-homeo	LHX3	A	0.0	0.02	0.96	2.96	0.0	0.0	3.23	1.24	0.0	0.0
		C	0.55	0.47	0.27	0.97	1.66	3.8	3.95	1.02	1.97	0.39
		G	0.55	0.32	0.72	4.54	2.45	3.97	4.27	2.22	1.53	0.17
		T	0.21	0.0	0.0	0.0	3.64	4.07	0.0	0.0	0.86	0.15
<hr/>												
POU	HDX	A	0.05	0.13	0.12	0.11	0.0	0.0	0.0	1.03	0.82	0.0
		C	0.08	0.12	0.09	0.79	0.15	2.16	6.98	3.09	0.0	1.61
		G	0.0	0.02	0.16	0.0	0.28	0.24	1.07	1.19	0.71	0.85
		T	0.08	0.0	0.0	0.82	0.72	0.67	1.56	0.0	1.08	0.77
<hr/>												
SAND	GMEB1	A	0.08	0.18	0.34	0.64	0.0	6.35	3.99	2.5	0.08	0.0
		C	0.06	0.07	0.4	0.97	2.76	0.0	6.51	1.36	0.0	0.54
		G	0.0	0.14	0.0	0.82	0.13	7.59	0.0	1.62	0.64	0.35
		T	0.03	0.0	0.07	0.0	2.71	6.15	7.35	0.0	0.91	0.62
<hr/>												
SMAD	SMAD3	A	0.0	1.18	6.92	2.91	7.37	6.32	0.56	0.57	0.0	0.13
		C	0.06	0.46	8.67	3.46	0.0	3.06	0.91	0.98	0.38	0.44
		G	0.19	1.56	0.0	1.64	3.8	1.17	0.0	0.0	0.23	0.47
		T	0.22	0.0	3.45	0.0	3.91	0.0	2.27	1.2	0.16	0.0
<hr/>												
T-box	EOMES	A	0.21	0.53	2.65	0.55	0.0	4.48	0.0	2.04	1.19	1.26
		C	0.39	0.79	1.39	0.0	2.26	0.0	5.48	0.0	0.0	0.96
		G	0.2	0.64	2.93	0.62	0.92	5.87	1.42	2.18	1.39	1.97
		T	0.0	0.0	0.0	1.5	1.17	3.82	4.06	3.09	0.93	0.0
<hr/>												
TATA	TBP	A	0.0	2.79	0.0	0.39	0.0	0.13	0.01	0.08	0.14	0.0
		C	1.94	1.86	2.05	1.55	1.23	0.93	0.55	0.0	0.06	0.02
		G	2.24	4.92	4.17	3.77	1.11	1.01	0.49	0.0	0.15	0.14
		T	0.3	0.0	0.79	0.0	0.85	0.0	0.0	0.08	0.0	0.01
<hr/>												
bHLH	BHLHB2	A	0.0	0.0	1.34	0.0	4.87	2.92	2.45	7.16	0.0	1.08
		C	0.24	0.85	0.0	2.12	0.0	3.33	2.73	5.81	0.43	0.0
		G	0.02	0.23	3.19	1.54	3.31	0.0	2.69	0.0	2.27	0.47
		T	0.14	0.2	3.23	1.91	2.43	5.03	0.0	8.16	2.17	0.61
<hr/>												
bHLH-ZIP	MAX	A	0.0	0.35	1.42	0.0	4.42	0.61	2.29	6.58	0.6	0.15
		C	0.39	0.0	0.0	2.47	0.0	2.92	6.73	9.44	0.36	0.26
		G	0.24	0.27	2.54	0.88	2.83	0.0	4.18	0.0	0.0	0.23
		T	0.42	0.19	2.74	1.69	2.44	5.64	0.0	3.66	0.41	0.0

bHSH	TCFAP2B	A	0.64	2.13	8.21	7.29	2.39	1.23	0.0	1.27	5.18	2.0
		C	0.0	1.63	0.0	0.0	0.1	0.0	0.71	5.73	7.78	0.59
		G	1.4	0.0	8.13	9.55	0.78	0.13	0.64	0.0	0.0	0.0
		T	0.12	6.51	7.14	2.59	0.0	0.77	2.1	7.23	7.65	2.12
<hr/>												
bZIP	ATF1	A	0.0	2.87	2.46	0.0	2.51	1.34	0.82	0.0	0.0	0.19
		C	0.87	4.35	3.48	6.7	0.0	3.21	0.75	0.12	0.62	0.21
		G	0.13	6.18	0.0	3.33	2.52	0.0	1.36	0.3	0.23	0.17
		T	1.2	0.0	1.07	1.92	1.1	1.84	0.0	0.51	0.37	0.0
<hr/>												
Fork	E2F	A	0.0	0.41	2.88	3.38	3.52	7.07	1.03	0.0	0.0	0.0
		C	0.43	0.0	0.61	0.0	6.29	0.0	0.0	0.28	0.72	0.42
		G	0.12	0.12	0.0	8.01	0.0	1.89	0.72	0.76	0.87	0.56
		T	0.25	0.8	3.38	6.51	1.8	2.75	1.02	0.38	0.09	0.15
<hr/>												
Homeo	EMX2	A	0.0	0.12	0.37	0.95	0.0	0.0	2.38	5.49	0.0	0.31
		C	0.1	0.27	0.0	0.33	0.35	1.88	3.84	2.3	4.96	0.65
		G	0.02	0.0	0.07	1.35	1.14	2.61	4.1	1.96	2.98	0.0
		T	0.23	0.49	0.27	0.0	0.74	1.72	0.0	0.0	1.93	0.68
<hr/>												
TRP	RAP1	A	6.92	6.41	5.74	0.0	4.27	0.0	5.28	0.0	6.36	4.9
		C	0.0	0.0	0.0	5.24	7.2	6.47	0.0	5.51	0.0	0.0
		G	6.78	6.74	5.64	2.62	1.86	5.66	7.25	7.18	7.2	4.67
		T	3.95	7.06	4.95	5.66	0.0	7.46	7.46	6.43	2.53	5.23