

substitution pattern					
C>A	C>G	C>T	T>A	T>C	T>G
0.033	0.000	0.106	0.062	0.799	0.000
flanking bases					
position	A	C	G	T	
-2	0.340	0.143	0.139	0.378	
-1	0.567	0.119	0.166	0.148	
+1	0.451	0.048	0.255	0.246	
+2	0.211	0.198	0.252	0.339	
transcription strand					
plus strand	minus strand				
0.272	0.728				