_				ce of k-mers acc	<del>-</del>			_	100
TGCGA - GTCAA -	41 70	81 99	80 100	80 100	100 100	2 100	0 100		100
TCAAT - TATTA -	100 64	92 100	100 100	100 100	100 100	99 100	100 98		
TAAGT - TTATA -	40 92	58 59	100 100	100 100	100 100	49 <b>62</b>	23 50		
TATGC - GCGGG -	85 20	69 25	100 80	100 100	100 100	40 11	43 12		
AGATT - TGCAC -	78 96	100	100 100	100 100	100 100	100 70	100 29		
GCACT -	96 93	78 82 100	100 100	100 100	100 100	96 97	89 98		
TAAAC - ATAAT -	98	95	100	100	100	50	60		
GAGGA - CTTAG -	98 43	100 84	100 100	100 100	100 100	94 98	100 100		
TATAA - CAACT -	96 81	99 85	100 100	100 100	100 100	63 25	87 83		
AACTC - ACCAA -	100 90	89 99	100 100	100 100	100 100	99 99	100 98		
CCTTA - AGTCA -	50 55	84 97	100 100	100 100	100 100	88 98	58 94	-	80
GGCGG -	10 16	32 23	100 100	100 100	100 83	0	0 9		
CGGGA - TTATC -	36	99	100	100	100	99	96		
TATCC - ACCTT -	67 71	91 82	100 100	100 100	100 100	18 44	30 1		
CAAAT - ACCTC -	98 83	100 30	100 100	100 100	100 100	84 89	100 60		
TATCA - TTGAA -	100 99	99 88	100 100	100 100	100 100	99 95	100 67		
AATGC - GTAAT -	81 88	91 85	100 100	100 100	100 100	25 37	0 10		
AGGAG -	99 78	98 41	100 100 100	100	100	88	94 100		
TTAGT - TACCC -	19	92	100	100 100	100 100	100 56	41		
GTTTA - GCACC -	75 80	92 82	100 100	100 100	100 100	58 3	32 30		
ACCCC - GATCT -	87 84	100 31	100 100	100 100	100 100	49 80	81 69		
ATCAA - GGGAT -	100 86	97 99	100 100	100 100	100 100	99 100	100 100	-	60
GGATA - TAGGT -	61 63	98 89	100 100	100 100	100 100	30 86	67 78		
CCGGC - CATTT -	52 52	16 95	60 100	100 100	0 100	2 96	12 60		
TGTAT -	100	95	100	100	100	90	90		
TGGAC - GCTGA -	69 40	99 83	100 100	100 100	100 100	100 5	100 45		
S GTTCA -	64 90	26 90	100 100	100 100	100 100	90 99	78 100		
# GAAAT - TGGC - GCACA -	33 86	100 31	100 100	100 100	100 100	98 42	98 72		
CCCCT - TTCCC -	96 93	99 53	100 100	100 100	100 100	50 90	80 54		
TTCCT - GTTCG -	26 1	88 76	100	100	100 83	84 0	72		
TCGAG -	10	79	80	73 33	50	0 12	1 54		
CGAAA - CTTAA -	76	60 84	80 100	100	100 100	93	54		
CCCTC - CTCTT -	97 92	84 96	100 100	100 100	100 100	32 97	16 100	-	40
GCGAC - TTGCC -	9 30	73 21	100 100	100 100	83 100	30 97	36 90		
ATATC - GTGTT -	97 78	46 51	100 100	100 100	100 100	93 40	96 27		
TGACT - CATTG -	34 88	20 24	100 100	100 100	100 100	99 68	98 81		
TTTCA - TCCAT -	91 32	98 21	100 100	100 100	100 100	100 100	100 100		
CATAC -	96 38	23 11	100 100	100	100	99	98 61		
TTACC -	98	51	100	100 100	100 100	93 90	74		
GACTT - ACGAA -	46 29	20 21	100 100	100 73	100 66	98 35	100 54		
CTGAT - TTATG -	55 44	24 26	100 100	100 100	100 100	86 98	60 96		
TCGTC - AATCT -	24 78	2 75	20 100	80 100	33 100	32 50	9 90		
CTTCT - CATAT -	15 60	8 37	80 100	100 100	100 100	37 90	29 94		
CTCCC - TCTTA -	83 40	6 54	100 100	100 100	100 100	5 41	10 94	-	20
GGCCG -	10 59	7 34	100 100	26 100	66 100	5 23	0 89		
TTCAC - GTGGT -	76	12	100	100	100	1	0		
GTATC - CGCAT -	95 20	5 4	100 60	100 93	100 16	4 3	12 27		
GGCTC - TCATC -	12 38	21 22	100 100	93 100	100 100	5 20	27 80		
AACCG - CGAAT -	10 11	0 15	60 20	6 20	16 50	1 0	<u>5</u> 3		
TAGCT - GGCGA -	79 12	9	100 80	100 46	100 100	11 2	27 7		
CGGCG -	20 12	5 21	20	86 86	0	1 0	1		
CGGGT -	19	13	100	100	100	3	5		
AACGC - TCCCG -	24 11	27 0	100	100	83 100	40	0 7		
TCCGT - ACTCG -	5 0	0 1	0 40	6 20	50 100	1 0	0 1		0
	Ϊ́R	ΙĹ	Ϋ́E	AF	SA	TR	ΚW		U
				Target					