

Consensus sequence and in which promoter region identified	Gene strand	Start	P-value	Motif for known transcription factor
1. CTCAGC[CT][AC]TC				
<i>chsA</i>	-	184	1.52e-06	
<i>chsB</i>	-	172	3.98e-06	
<i>chsC</i>	+	636	8.13e-07	
<i>chsE</i>	+	739	2.45e-06	
<i>chsF</i>	+	638	1.52e-06	
<i>chsG</i>	-	467	8.09e-06	
<i>csmB</i>	+	944	1.17e-05	UNKNOWN
2. CTTCC[AC]T[CA]CT				
<i>csmB</i>	+	454	9.32e-07	
<i>chsD</i>	+	520	2.81e-06	
<i>chsF</i>	-	122	6.30e-06	
<i>chsE</i>	+	536	9.37e-06	
<i>chsC</i>	-	505	9.37e-06	
<i>chsA</i>	+	818	1.02e-05	
<i>chsB</i>	+	343	1.16e-05	
<i>chsG</i>	+	706	1.27e-05	<i>SFL1</i> (MA0377.1) <i>GCR2</i> (MA0305.1) <i>HSF1</i> (MA0319.1) <i>GCR1</i> (MA0304.1)

Consensus sequence and in which promoter region identified	Gene strand	Start	P-value	Motif for known transcription factor
3. TCA[GT]CCAC				
<i>chsF</i>	+	563	1.31e-05	
<i>chsD</i>	+	184	1.31e-05	
<i>chsC</i>	+	356	1.31e-05	
<i>chsG</i>	+	694	2.80e-05	
<i>chsA</i>	+	626	2.80e-05	
<i>chsE</i>	-	832	4.11e-05	
<i>csmB</i>	+	763	5.42e-05	
<i>chsB</i>	-	884	6.73e-05	CRZ1 (MA0285.1)
4. T[TC]T[TC]CCCTTG				
<i>chsF</i>	+	287	1.07e-06	
<i>csmB</i>	-	816	2.93e-06	
<i>chsG</i>	+	898	2.93e-06	
<i>chsD</i>	-	267	5.86e-06	
<i>chsB</i>	-	313	1.00e-05	
<i>chsE</i>	+	669	1.89e-05	
<i>chsA</i>	+	248	1.89e-05	
<i>chsC</i>	+	35	2.37e-05	UNKNOWN
5. TTTTT[CT]TTT				
<i>chsG</i>	+	746	6.02e-06	
<i>chsF</i>	+	345	6.02e-06	
<i>chsB</i>	-	528	6.02e-06	
<i>csmB</i>	+	547	1.29e-05	
<i>chsE</i>	+	472	1.29e-05	
<i>chsC</i>	+	14	1.29e-05	
<i>chsD</i>	-	119	2.49e-05	
<i>chsA</i>	-	121	2.49e-05	AZF1 (MA0277.1) SFP1 (MA0378.1)

Consensus sequence and in which promoter region identified	Gene strand	Start	P-value	Motif for known transcription factor
6. GC[CG]G[AT]CACTC				
<i>chsG</i>	+	34	1.42e-06	
<i>chsF</i>	+	274	1.42e-06	
<i>chsB</i>	-	935	1.42e-06	
<i>chsC</i>	-	188	2.84e-06	UNKNOWN
7. T[GC]TTGAT[CG]GA				
<i>chsG</i>	+	815	1.07e-06	
<i>chsF</i>	+	942	3.20e-06	
<i>chsB</i>	-	792	3.20e-06	
<i>csmB</i>	-	805	6.58e-06	
<i>chsD</i>	+	848	9.79e-06	
<i>chsC</i>	-	699	1.53e-05	
<i>chsE</i>	-	345	2.20e-05	
<i>chsA</i>	-	968	3.33e-05	UNKNOWN
8. T[TC][TG][CG]CA[CG][TC]G[TG]				
<i>chsG</i>	+	936	2.14e-06	
<i>chsE</i>	+	777	5.86e-06	
<i>chsA</i>	+	287	5.86e-06	
<i>csmB</i>	+	592	6.93e-06	
<i>chsF</i>	+	251	1.07e-05	
<i>chsC</i>	+	165	1.07e-05	
<i>chsD</i>	-	889	1.66e-05	
<i>chsB</i>	-	763	3.67e-05	UNKNOWN