



AhDREB1 .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	AhDREB1 .seq	CTTTCGACACTCAATTCCTCACTCCGCGCACAGCCGCTCCCTCCGCGGTGAC	705
AcDREB2A .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	AcDREB2A .seq	TTGCGTCAGCCGAGTTTGAACAT...AACATTGTGGAGTGTATCTCGAAGAGAAAGGAA	656
AcDREB2B .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	AcDREB2B .seq	TTTCTGCTTAGAGTTTGAACAG...CACTATTGGGCGCAATCTCGAAGAGAAAGGAA	682
GmDREB2 .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	GmDREB2 .seq	AGCATTTTCCGAAAGCTTACGCAACACAGCGAAGAGCCGCTGCTCCGCGAGAGCT	674
OsDREB2 .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	OsDREB2 .seq	CTTTTGTGAGCGCGGAGAA...ATTGAGGATTTGGATCAGAGAGATCTCTTTA	678
SlDREB2 .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	SlDREB2 .seq	AGCCGAGACAGCGACAGAGGCTTTCAGGAAAGATGAGACATTTACACTCTGACCTC	710
EmDREB2 .seq	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA	60	EmDREB2 .seq	CGAGCCAGAGCCGAGCCATCTCTGATGTTGTGAAAGAAC...GACATGTTTCTGCT	699
Consensus	TTCCGACCAATGATGGTTTACAGACACACAGCTTGCATCTCAGATCCCTTTGCA		Consensus	TTGCGTCAGCCGAGTTTGAACAT...AACATTGTGGAGTGTATCTCGAAGAGAAAGGAA	
AhDREB1 .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	119	AhDREB1 .seq	TTGCGCGCTTACAGCCGCTTCACTCTCTCGACGCAAGCTTCAAGCCATTTGGCA	764
AcDREB2A .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	120	AcDREB2A .seq	ACAGAGAGCGTCAAGCGGATTTAGAGACCTTCAGCAGCAACAGCGGATTTCCCTGCT	716
AcDREB2B .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	120	AcDREB2B .seq	ACCGAAGCGTCAAGAGAGAGATACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC	742
GmDREB2 .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	118	GmDREB2 .seq	GAAGCCGCTTATACAGCCTCTCGAGCTCGCAGCTCGCAGCTCGCAGCTCGCAGCT	734
OsDREB2 .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	114	OsDREB2 .seq	CACAAAGATTTACACATAAGTATGATTTATTGATGATTCCTGATGATTTGATGATG	738
SlDREB2 .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	120	SlDREB2 .seq	CTTCAAGAGTCAAGCGGAGATGAGCTTACCGCTCT...TAGATAGAGTGAAGCCTT	767
EmDREB2 .seq	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC	120	EmDREB2 .seq	GGCTTGAAGCCCTGCTTCTCTCGAGG...CTCGAGCCGCTCAAGTGA...CTT	747
Consensus	GGTAGTGAATTAATGGAGCTCTTGAACCTTTATTAAGATTTCTTCCACACACCTTC		Consensus	GGCTTGAAGCCCTGCTTCTCTCGAGG...CTCGAGCCGCTCAAGTGA...CTT	
AhDREB1 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	178	AhDREB1 .seq	AGCCCTCGCGG...ATGCAAGAGCAGCGAAGAGCGGAGAGCAGCCGCTCCAAAG	821
AcDREB2A .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	163	AcDREB2A .seq	TTGCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	800
AcDREB2B .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	162	AcDREB2B .seq	CTTCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	800
GmDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	161	GmDREB2 .seq	CTTCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	791
OsDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	156	OsDREB2 .seq	CTTCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	798
SlDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	177	SlDREB2 .seq	CTTCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	798
EmDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	180	EmDREB2 .seq	CTTCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	827
Consensus	ACCTTCACTCTCAGCT		Consensus	CTTCAAC...GGATTTGCTTACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	
AhDREB1 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	238	AhDREB1 .seq	AGCCCTCGCGG...ATGCAAGAGCAGCGAAGAGCGGAGAGCAGCCGCTCCAAAG	878
AcDREB2A .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	219	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	894
AcDREB2B .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	216	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	894
GmDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	218	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	894
OsDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	210	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	894
SlDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	231	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	894
EmDREB2 .seq	ACCTTCACTCTCAGCT	234	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	894
Consensus	ACCTTCACTCTCAGCT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	CCCTTCT	286	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
AcDREB2A .seq	CCCTTCT	279	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
AcDREB2B .seq	CCCTTCT	276	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
GmDREB2 .seq	CCCTTCT	278	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
OsDREB2 .seq	CCCTTCT	270	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
SlDREB2 .seq	CCCTTCT	291	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
EmDREB2 .seq	CCCTTCT	293	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	932
Consensus	CCCTTCT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	356	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	989
AcDREB2A .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	329	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1008
AcDREB2B .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	336	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1008
GmDREB2 .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	327	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	995
OsDREB2 .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	320	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	995
SlDREB2 .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	351	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	995
EmDREB2 .seq	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT	353	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	995
Consensus	ACCACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	416	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1029
AcDREB2A .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	396	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1029
AcDREB2B .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	393	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1029
GmDREB2 .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	379	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
OsDREB2 .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	390	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
SlDREB2 .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	411	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
EmDREB2 .seq	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT	407	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
Consensus	GATCAATCAGATCCAGCCCAATACGATCCAGCCCAACCACTGGCAACACACACACT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	CACT	474	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1050
AcDREB2A .seq	CACT	452	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1008
AcDREB2B .seq	CACT	449	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
GmDREB2 .seq	CACT	429	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
OsDREB2 .seq	CACT	449	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
SlDREB2 .seq	CACT	471	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
EmDREB2 .seq	CACT	464	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
Consensus	CACT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	ACG...CT	529	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1050
AcDREB2A .seq	ACG...CT	499	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1008
AcDREB2B .seq	ACG...CT	508	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
GmDREB2 .seq	ACG...CT	497	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
OsDREB2 .seq	ACG...CT	508	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
SlDREB2 .seq	ACG...CT	530	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
EmDREB2 .seq	ACG...CT	524	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
Consensus	ACG...CT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	589	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1050
AcDREB2A .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	549	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1008
AcDREB2B .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	567	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
GmDREB2 .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	587	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
OsDREB2 .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	589	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
SlDREB2 .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	580	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
EmDREB2 .seq	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	584	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
Consensus	AGCGGCTGCTGAGCTGAGCAAGCCGACAGAGCTGACAGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	
AhDREB1 .seq	ACGAGAGAGAGCT	647	AhDREB1 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1050
AcDREB2A .seq	ACGAGAGAGAGCT	599	AcDREB2A .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	1008
AcDREB2B .seq	ACGAGAGAGAGCT	626	AcDREB2B .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
GmDREB2 .seq	ACGAGAGAGAGCT	614	GmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
OsDREB2 .seq	ACGAGAGAGAGCT	621	OsDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
SlDREB2 .seq	ACGAGAGAGAGCT	616	SlDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
EmDREB2 .seq	ACGAGAGAGAGCT	643	EmDREB2 .seq	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	993
Consensus	ACGAGAGAGAGCT		Consensus	TTGTTGCGAGGCTCTCAAGCTTACCTTAAAGCCGCGCGGAGGAGCTGAG...CC	

Figure S1. Alignment of sequences of AhDREB1 with six DREB subfamily genes.

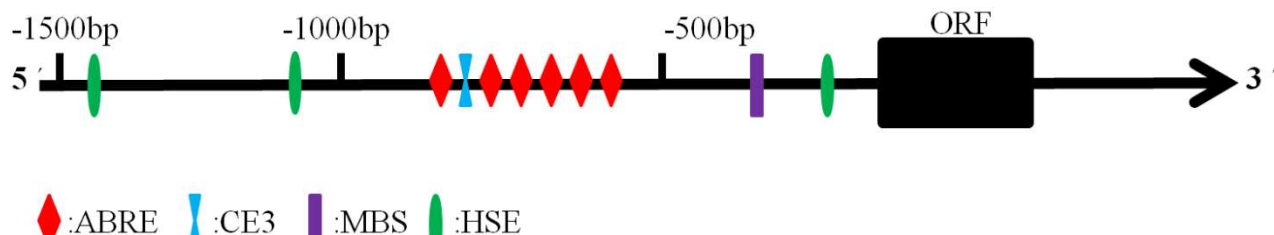


Figure S2. Analysis of cis-acting element of AhDREB1 promoter.

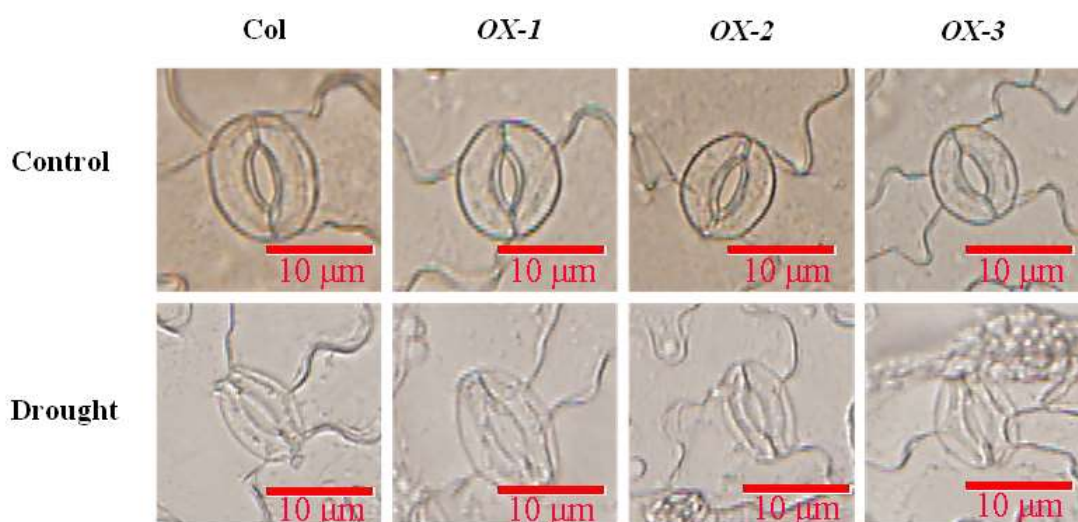


Figure S3. Images (bright-field microscopy) of stomatal apertures in the leaves of three-week-old *AhDREB1-OX* and Col plants under control or dehydration conditions.

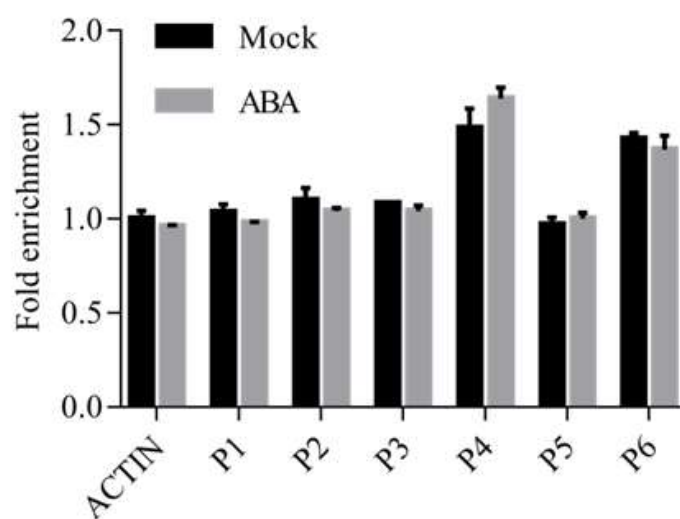


Figure S4. H3ac levels in chromatin of peanut leaves under 100 μM ABA treatment.

Table S1. Primers for RT-qPCR.

Genes	Primers(5'- 3')
<i>AhACTIN</i>	F: GATTGGAATGGAAGCTGCTG R: CGGTCAGCAATAACCAGGGAA
<i>AtACTIN2</i>	F: GGTAACATTGTGCTCAGTGGTGG R: AACGACCTTAATCTTCATGCTGC
<i>AhAREB1</i>	F: ACAAGGGAACCAGCATTAGG R: TCACCACCACCATAACCAACCA
<i>AhNCED1</i>	F: TTACCTGTGGGATTGTTTGC R: ACATGAGCCTCTACTTCTGC
<i>AhDREB1</i>	F: TGGCAAACACAGCACCTCAACTC R: TCTGCCTCACCCCTCTGTAAAGC
<i>AtRD29A</i>	F: CAGGCGTAACAGGTAAACCTAGA R: TCGGAAGACACGACAGGAAACAC
<i>AtNCED3</i>	F: TCGCAAGATTCGGGATTTTAGAC R: TTTCTGGCTCTTCCCAAGCGTTC
<i>AtP5CS1</i>	F: AGAGCAATGGAGTCACTTTGTATG R: CCTTGGCACAGTACTCATGGTTG
<i>AtP5CS2</i>	F: ATTCTCCGCCAAGTGGACAGTG R: CTCAGCACCAAGTCCGAACCTAA
<i>AtPYL2</i>	F: CCCGAGGGAAACACAGAGGAAGA R: ATAGGTGCAGATGTGGCGGCAAC

<i>AtPP2C5</i>	F: CGACGACGGAGGTTACAAAAATG R: TTGTTCCCTAGATTCATCGCAGC
<i>AtSnRK2.2</i>	F: TGGTCTTGCGGTGTAACATTATATG R:CGAGTATGTGACACTAAGGATTCTTTG
<i>AtSnRK2.4</i>	F: TGGCTGATGTATGGTCTTGTGGT R: GTTTTCTGAAGTTCTTGGGGTC
<i>AtAREB3</i>	F: GAGGAGGGATAAGCAGCCTACAC R: ACCACCAACAGGACCATCATGGT
<i>AtABF4</i>	F: CAAGGATGGTAATATGGAAGGTAG R: GTGTCATTCCCCTAAAGTCTGT

Table S2. Primers for ChIP-qPCR.

Fragments	Primers(5'- 3')
<i>P1</i>	F: CGGTTTGCTGCGTCTATTAG R: CCATATCGATGCGCGTTTAC
<i>P2</i>	F: GAACAATGTTGACGAATCTAACCC R: GCAATACTACGAGCTTCAATACC
<i>P3</i>	F: TTCTTTTCCCCCTCTGTTACAC R: ACTAAGCCTGGATCTCGATTCTG
<i>P4</i>	F: TGGCAAACACAGCACCTCAACTC R: TCTGCCTCACCCCTCTGTAAAGC
<i>P5</i>	F: GCCCTTCATAGATCTCATT R: ATAAAAGCCAGGTCAAGCAG
<i>P6</i>	F: GAACAATGTTGACGAATCTAACCC R: GCAATACTACGAGCTTCAATACC
<i>AhACTIN</i>	F: GATTGGAATGGAAGCTGCTG R: CGGTCAGCAATACCAGGGAA