Name	*p*-value	Motif Locations
Solyc12g099900	1.47e-124	
Solyc06g035620	2.04e-202	
Solyc11g017100	2.51e-64	
Solyc12g099220	1.10e-102	
Solyc05g053420	1.19e-110	
Solyc08g080400	1.35e-113	
Solyc02g092370	1.79e-72	
Solyc10g086530	1.63e-225	
Solyc01g090950	1.88e-55	
Solyc09g066450	4.81e-83	
Solyc07g065270	3.46e-239	
Solyc03g110950	1.47e-107	
Solyc06g076290	1.29e-18	
Solyc02g094340	9.00e-148	
Solyc12g049320	3.27e-8	
Solyc02g085600	8.40e-55	
Solyc09g090830	4.38e-17	
Solyc01g079370	4.60e-122	
Solyc11g012510	3.97e-253	
Solyc05g053090	1.25e-217	
Solyc10g086380	2.24e-125	
Solyc01g059950	3.02e-59	
Solyc11g005610	3.89e-72	
Solyc01g079380	4.04e-106	
Solyc09g018460	2.53e-38	
Solyc03g025170	1.66e-123	
Solyc11g013150	3.87e-71	
Solyc02g085340	5.67e-92	
Solyc06g076280	7.66e-190	
Solyc07g043330	3.98e-74	
Solyc09g010920	1.58e-220	
Solyc01g059960	3.40e-104	
Solyc10g074680	3.28e-105	
Solyc04g014830	7.47e-252	
Solyc03g123400	7.10e-43	
Solyc06g036170	1.02e-129	
Solyc06g082530	3.94e-157	
Solyc06g009610	4.29e-110	
Solyc05g054170	5.03e-65	
Solyc02g092570	6.88e-60	
Solyc08g078800	2.57e-43	
Solyc04g064550	6.63e-201	
Solyc07g052960	2.78e-83	
Solyc10g086370	3.94e-102	
Solyc11g011260	3.58e-133	
Solyc12g005340	4.66e-267	
Solyc04g011630	4.55e-45	
Solyc07g047950	3.47e-260	
Solyc07g066250	5.44e-105	
Solyc08g014030	7.39e-81	
Solyc01g008910	1.28e-122	
Solyc01g100200	4.37e-196	
Solyc07g063940	7.55e-261	
Solyc01g009840	2.09e-50	

Motif	Symbol	Motif Consensus
1.		CAYATHATTGATTTYGRYATHRNDCAWGGWWTTCAATGGCCDDCYYTNATNCAAGCTYTDGCHDMDMGRCCHGRHGGWCC
2.		SARGADKDWTTKGSNMGRGADATWRKGAAYRTBRTWGCDTGTGARGGDRVDGARAGRRTDGARMGRCAYGARANDTTBGRDMARTGGMRRG YDWGRWTBRWRADRGCTGGKTT
3.		GCDAAYHMYAAYRCDSCWNYHTTYNTBVMNMGRTTYMTNGARGCNYTDBWTTAYTAYTCWGCWHTDTTTGATTCNYTDGA
4.		GARRTHWSYCCWTTCHTHAARTTYGCTYAYTTBRCHGCWAATSARGCNATHNTWGAAGCHDTWRARRRWGMRAMNARRRTT
5.		TTYCATGCWRTDKCANWKWMDKGBSMDRAHRTCAVNCKDGARRABCTWRRDSTYVRAMMTGRTGARGCTCTKGCWGTWAACTKYSYKTWYM DRYTWMASMACATGCCTGATGAGASYGTDRNMRYDRANARTCMWAGRGAYSDNCTWCTVAGKMTRRTNARGAVSWTNWVTCCMRAKRTNKT CAYVYTDCTKGARCWARA
6.		GGDGATBCHRTBCARMGABTDGCTKCTTAYTTYGYDGAAGCHYTDSHWGMDMGDMT
7.		RAWGRDKSDMTKDTKYTDGGATGGAARGRWMRDVCHHTNDTHDCWGYHTCTGCTTGG
8.		TKGARGAARYWGGHVRWMGDYTDRCMRAWTTTGCYRARTCHTTNRRYVTKCCWTTTG
9.		GGWDTRDABYTDRWNVANCTNCTNMTTGCTTGTGCTGARGCWRTWGCWRAWRRHRAYWTNRMWNNWGCDRAWVARYTDHT
10.		CCAWAKSTTCGBATHACWGGNATWGATKWTCCHSAWYCWGSHTWCRSDCSAGSAGRW
11.		KTKHTGMRWKTDRTNARRVRDHTRDMHCCWARDRTTGTKRYNNTHGYNGAAVAAGA
12.		WWVYAGTDGTKDVNRAHWTGRARGAWYTNAANVHAGADRHNTTYVAHRTWAAWRMWGRKGAAGCTBTDGCDRTBWAYTS
13.		TCNGGAAGYAMCATATACAARRMHYTVARRTGCAARGAACCMRCTRGYTYDGAVYTRTTSTCYTACATGCAHGTCCTYTA
14.		AAKCWGATGCTNRWGGAAGARGATWTKGARRAYAAGMCATRYATGYTTCANGANTSSNTRGMWCTTCAAGCWRMWGAGARRTCVTTWTATG ANGYCCTTGRYRARWMGTAWMC
15.		CMATAYCCDTTGAGYYCWTHDGTKAATKMDRYGATHAAGRMCCTSHTGAAGVRBTACWSSGAWMATTATAVRCTKGHDGA