## SUPPLEMENTARY FIGURES AND LEGENDS

**Supplementary Figure 1. ZBTB5 is a POZ-domain Krüppel-like zinc finger (POK) protein.** Nucleotide and amino acid sequences of the ZBTB5 protein (GenBank Accession NP\_055687.1). ZBTB5 is composed of 677 amino acids and contains a N-terminus POZ domain (a.a. 1-123, solid underline) and two zinc fingers, one typical C2H2 and one atypical C2HC types in the C-terminus (a.a. 613-677, dotted underline region with circles).

**Supplementary Figure 2.** (*A*) Structures of the promoter-luciferase gene constructs of the p53 pathway tested in Figure 1A. Promoters of *ARF*, *HDM2*, *p53*, and *p21* were fused with the luciferase gene of the pGL2-basic vector. Binding sites for transcriptional factors are indicated. +1, Tsp, transcriptional start site. *HDM2*(P2), p53-dependent promoter 2 of *HDM2*. (*B*) RT-PCR analysis of total RNA isolated from HEK293A and HCT116 cells transfected either with control adenovirus (dl324) or recombinant adenovirus (dl324-ZBTB5) overexpressing ZBTB5. (*C*) RT-PCR analysis of total RNA isolated from HEK293A cells transfected with either negative control scrambled siRNA or siZBTB5 RNA.

**Supplementary Figure 3.** (A) A diagram showing the homology of amino acid sequences of mammalian ZBTB5 proteins. All mammalian ZBTB5s show a sequence homology greater than 92%. (B) Tissue distribution of mouse Zbtb5 mRNA expression. RT-PCR analysis of cDNA prepared from total RNA of male FVB mouse tissues. (C) Immunocytochemistry of human FLAG-ZBTB5 in HEK293A cells transfected with FLAG-ZBTB5 expression vector. ZBTB5 was detected in the nucleus.

```
atggattttcctggtcactttgaacaaatcttccagcagctgaactaccagagacttcatggccagctctgtgattgtgtcattgtagtg
              \texttt{M} \ \texttt{D} \ \texttt{F} \ \texttt{P} \ \texttt{G} \ \texttt{H} \ \texttt{F} \ \texttt{E} \ \texttt{Q} \ \texttt{I} \ \texttt{F} \ \texttt{Q} \ \texttt{Q} \ \texttt{L} \ \texttt{N} \ \texttt{Y} \ \texttt{Q} \ \texttt{R} \ \texttt{L} \ \texttt{H} \ \texttt{G} \ \texttt{Q} \ \texttt{L} \ \texttt{C} \ \texttt{D} \ \texttt{C} \ \texttt{V} \ \texttt{I} \ \texttt{V} \ \texttt{V}
1
             gggaatagacactttaaagcccaccgctccgtgctggcagcatgcagcactttccgagccctgttctcagtggcagaaggagatcag
31
               G N R H F K A H R S V L A A C S T H F R A L F S V A E G D
             61
               T M N M I Q L D S E V V T A E A F A A L I D M M Y T S T
             \verb|ctgggggagagca| tgta \verb|atggatgtctta| ttggcagcctctcacctgcatttgaactctgttgtta aggcatgta aacattactta acgcatgta acgcatgta aggcatgta acgcatgta acgcat
              LGESNVMDVLLAASHLHLNSVVKACKHY
91
             a ca aggaeget geceat g tetecce ceagt g agegeget te aggage ag ag egecege at geageget cett that get a cage aget g g aggaeget get get a cage age aggaeget g aggaeget g
               <u>TRT</u>LPMSPPSERVQEQSARMQRSFMLQQLG
121
             151
              L S I V S S A L N S S Q N G E E Q P A P M S S S M R S N L D
             Q R T P F P M R R L H K R K Q S A E E R A R Q R L R P S I D
181
            ESAISDVTPENGPSGVHSREEFFSPDSLKI
211
            \tt gtggataatcctaaagctgatggaatgactgataaccaggaagatagtgcgatcatgtttgatcagtcttttggcactcaagaagatgcc
241
              V D N P K A D G M T D N Q E D S A I M F D Q S F G T Q E D A
             271
              Q V P S Q S D N S A G N M A Q L S M A S R A T Q V E T S F D
             301
              Q E A A P E K S S F Q C E N P E V G L G E K E H M R V V V K
             331
              S E P L S S P E P Q D E V S D V T S Q A E G S E S V E V E G
             361
              V V V S A E K I D L S P E S S D R S F S D P Q S S T D R V G
             \tt gatatccatattttggaagtcacaaataacctagagcataagtccacttttagtatttcgaattttcttaacaagagcagaggaaataaccacttttagtatttcgaattttcttaacaagagcagaggaaataaccacttttagtatttcgaattttcttaacaagagcagaggaaataaccacttttagtatttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttcgaattttggaatttggaattttggaattttggaatttggaatttggaatttggaatttggaattttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttggaatttg
391
              DIHILEVTNNLEHKSTFSISNFLNKSRGNN
             {\tt tttactgcaaatcagaacaatgatgataatattccaaacaccactagtgactgcaggctggagagtgaggccccctatttgttgagtcca}
421
              F T A N Q N N D D N I P N T T S D C R L E S E A P Y L L S P
             \tt gaggetgggcctgcaggtgggccctcctctgcccctggctcccatgtagagaacccatttagtgaacctgcagactcccatttcgtcagg
              E A G P A G G P S S A P G S H V E N P F S E P A D S H F V R
451
             cctatgcaggaggtgatgggcctgccgtgtgtgcagacttcaggctaccaaggaggagaacagtttgggatggacttttccaggtctggt
481
              P M Q E V M G L P C V Q T S G Y Q G G E Q F G M D F S R S G
             511
              LGLHSSFSRVMIGSPRGGASNFPYYRRIAP
             aaaatgccagttgtaacttccgtcaggagctcacagatcccagaaaactctaccagttctcagctaatgatgaatggagctacgtcctca
              K M P V V T S V R S S Q I P E N S T S S Q L M M N G A T S S
541
             571
               F E N G H P S Q P G P P Q L T R A S A D V L S K C K K A L S
             E H N V L V V E G A R K Y A C K I C C K T F L T L T D C K K
601
             HIRVHTGEKPYACLKCGKRFSQSSHLYKH)S
631
             aagactacctgcctgcgctggcagagcagcaatcttcccagcactttgctc
             KTTC LRWQSSNLPSTLL
```









