

**Table S4. Most statistically robust transcription factor binding sites identified in potential target genes for each of the TFs examined (Pou3f1, Irx1, Tcfap2b, Sox8, and Foxi1).** For each TF, the table contains those TF binding sites within the promoter of each target gene identified as statistically significant using Monkey motif ( $p < 0.05$ , upper bound on false discovery rate  $< 0.1$ ) in both sets of orthologs. Sites presented represent those predicted in the ortholog comparisons that included rat, human and zebrafish. In all cases, the sequence presented is that present in the mouse genome. For each site, columns contain the genomic location in UCSC genome browser coordinates (Mouse July 2007 NCBI37/mm9 Assembly), the sequence matched against the motif at that location and its reverse complement.

TF: Pou3f1			
Target	Genomic location	Site	Reverse complement
Anxa13	chr15:58221683-58221699 chr15:58220888-58220904 chr15:58220887-58220903 chr15:58220886-58220902	ATAGCATTAAACCAAGCA GTTTAATAAGTAACTTT CGTTTAATAAGTAACTT GCGTTTAATAAGTAACT	TGCTTGGTTAATGCTAT AAAGTTACTTATTA AAC AAGTTACTTATTAACG AGTTACTTATTAACGC
Asb9	chrX:160935345-160935361 chrX:160935346-160935362 chrX:160935349-160935365 chrX:160935350-160935366 chrX:160935365-160935381 chrX:160935366-160935382 chrX:160935369-160935385 chrX:160935370-160935386 chrX:160935864-160935880 chrX:160935865-160935881 chrX:160935868-160935884 chrX:160935872-160935888 chrX:160935873-160935889	GTTTGAAGTAATTATTT TTTGAAGTAATTATTTG GAAGTAATTATTTGTAG AAGTAATTATTTGTAGT GTCTAAATGAATTAAGT TCTAAATGAATTAAGTC AAATGAATTAAGTCCAT AATGAATTAAGTCCATT AAGGTAATTACTTAAAT AGGTAATTACTTAAATG TAATTACTTAAATGTTT TACTTAAATGTTTAACT ACTTAAATGTTTAACTA	AAATAAATTA CTTC AAAC CAAATAAATTA CTTC AAA CTACAAATAAATTA CTTC ACTACAAATAAATTA CTTC ACTTAATTCATTTAGAC GACTTAATTCATTTAGA ATGGACTTAATTCATTT AATGGACTTAATTCATT ATTTAAGTAATTACCTT CATTTAAGTAATTACCT AAACATTTAAGTAATTA AGTTAAACATTTAAGTA TAGTTAAACATTTAAGT
Cldn10a	chr14:119185724-119185740 chr14:119185725-119185741 chr14:119186811-119186827 chr14:119186812-119186828 chr14:119187065-119187081 chr14:119187066-119187082 chr14:119187072-119187088 chr14:119187073-119187089 chr14:119185724-119185740 chr14:119185725-119185741 chr14:119186811-119186827 chr14:119186812-119186828 chr14:119187065-119187081 chr14:119187066-119187082 chr14:119187072-119187088 chr14:119187073-119187089 chr14:119185724-119185740	AAGTATATTTATAAAAAT AGTATATTTATAAAAAT CCTTTACTGAAATAACA CTTTACTGAAATAACAT CAGGAAATTAAGCATTAA AGGAAATTAAGCATTAA TTAAGCATTAACTATGC TAAGCATTAACTATGCT AAGTATATTTATAAAAAT AGTATATTTATAAAAAT CCTTTACTGAAATAACA CTTTACTGAAATAACAT CAGGAAATTAAGCATTAA AGGAAATTAAGCATTAA TTAAGCATTAACTATGC TAAGCATTAACTATGCT AAGTATATTTATAAAAAT	ATTTTATAAATATACTT AATTTTATAAATATACT TGTTATTTTCAGTAAAGG ATGTTATTTTCAGTAAAG TAATGCTTAATTTCCCTG TTAATGCTTAATTTCCCT GCATAGTTAATGCTTAA AGCATAGTTAATGCTTAA ATTTTATAAATATACTT AATTTTATAAATATACT TGTTATTTTCAGTAAAGG ATGTTATTTTCAGTAAAG TAATGCTTAATTTCCCTG TTAATGCTTAATTTCCCT GCATAGTTAATGCTTAA AGCATAGTTAATGCTTAA ATTTTATAAATATACTT

	chr14:119185725-119185741 chr14:119186811-119186827 chr14:119186812-119186828 chr14:119187065-119187081 chr14:119187066-119187082 chr14:119187072-119187088 chr14:119187073-119187089 chr14:119185724-119185740 chr14:119185725-119185741 chr14:119186811-119186827 chr14:119186812-119186828 chr14:119187065-119187081 chr14:119187066-119187082 chr14:119187072-119187088 chr14:119187073-119187089	AGTATATTTATAAAAATT CCTTTACTGAAATAACA CTTTACTGAAATAACAT CAGGAAATTAAGCATTAA AGGAAATTAAGCATTAA TTAAGCATTAACTATGCT TAAGCATTAACTATGCT AAGTATATTTATAAAAAT AGTATATTTATAAAAATT CCTTTACTGAAATAACA CTTTACTGAAATAACAT CAGGAAATTAAGCATTAA AGGAAATTAAGCATTAA TTAAGCATTAACTATGCT TAAGCATTAACTATGCT	AATTTTATAAAATATACT TGTTATTTTCAGTAAAGG ATGTTATTTTCAGTAAAG TAATGCTTAATTTCCCTG TTAATGCTTAATTTCCCT GCATAGTTAATGCTTAA AGCATAGTTAATGCTTAA ATTTTATAAAATATACTT AATTTTATAAAATATACT TGTTATTTTCAGTAAAGG ATGTTATTTTCAGTAAAG TAATGCTTAATTTCCCTG TTAATGCTTAATTTCCCT GCATAGTTAATGCTTAA AGCATAGTTAATGCTTAA
Defb19	chr2:152406259-152406275 chr2:152406258-152406274 chr2:152406255-152406271 chr2:152406254-152406270	TGTTAATTACCTTAGGA ATGTTAATTACCTTAGG CCCATGTTAATTACCTT ACCCATGTTAATTACCT	TCCTAAGGTAATTAACA CCTAAGGTAATTAACAT AAGGTAATTAACATGGG AGGTAATTAACATGGGT
Prodh2	chr7:31278540-31278556 chr7:31278541-31278557 chr7:31278543-31278559 chr7:31278544-31278560 chr7:31278545-31278561 chr7:31278547-31278563 chr7:31278599-31278615 chr7:31278602-31278618	CTAACCATTAATTATTA TAACCATTAATTATTA ACCATTAATTATTAACC CCATTAATTATTAACCC CATTAATTATTAACCCT TTAATTATTAACCCTCC GCCCAGTTAATCAGTAA CAGTTAATCAGTAACTG	TAATAATTAATGGTTAG TTAATAATTAATGGTTA GGTTAATAATTAATGGT GGGTTAATAATTAATGG AGGGTTAATAATTAATG GGAGGGTTAATAATTA TTACTGATTAACTGGGC CAGTTACTGATTAACTG
Slc6a13	chr6:121249921-121249937 chr6:121249922-121249938 chr6:121249925-121249941 chr6:121249926-121249942 chr6:121250680-121250696 chr6:121250681-121250697 chr6:121250684-121250700	ATACTTTTAAATTAATC TACTTTTAAATTAATCC TTTTAAATTAATCCTAA TTTTAAATTAATCCTAAT TGCGTTACTCATTAAACC GCGTTACTCATTAAACC TTACTCATTAAACCCTCAG	GATTAATTTAAAAGTAT GGATTAATTTAAAAGTA TTAGGATTAATTTAAAA ATTAGGATTAATTTAAA GGTTAATGAGTAAACGCA AGGTTAATGAGTAAACGC CTGAGGTTAATGAGTAA
Slc7a9	chr7:36234025-36234041 chr7:36234027-36234043 chr7:36234028-36234044 chr7:36234496-36234512	GGGTGTTTAAATAATTAC GTGTTTAAATAATTACCT TGTTTAAATAATTACCTC TATGTAATAATGCCTTT	GTAATTATTAACACCC AGGTAATTATTAACAC GAGGTAATTATTAACA AAAGGCATTATTACATA
Sucnr1	chr3:59885389-59885405 chr3:59885565-59885581 chr3:59885566-59885582 chr3:59885692-59885708 chr3:59885693-59885709 chr3:59885713-59885729 chr3:59885714-59885730 chr3:59885715-59885731 chr3:59885718-59885734 chr3:59886130-59886146 chr3:59886131-59886147	GTTTAATTATTGTATGC GAGTGATCAACTAAAT AGTGTATCAACTAAATT TTCTGAATAAATTATCC TCTGAATAAATTATCCC CTTTTGAATTATTAATC TTTTGAATTATTAATCT TTTGAATTATTAATCTT GAATTATTAATCTTGGC AGTGAAATTATTTAGAG GTGAAATTATTTAGAGA	GCATACAATAATTA AAC ATTTAGTTGATACACTC AATTTAGTTGATACACT GGATAATTTATTCAGAA GGGATAATTTATTCAGA GATTAATAATTCAAAAAG AGATTAATAATTCAAAA AAGATTAATAATTCAAAA GCCAAGATTAATAATTC CTCTAAATAATTTCACT TCTCTAAATAATTTCAAC

	chr3:59886267-59886283	GATTTAAGAATAAGATT	AATCTTATTCTTAAATC
Sult1d1	chr5:87998471-87998487 chr5:87998218-87998234	AAGCAATTTATTAATAAAT CAACACATTATTCTCTT	ATTTTAATAAAATTGCTT AAGAGAATAATGTGTTG
Ttc36	chr9:44611477-44611493 chr9:44611476-44611492 chr9:44611457-44611473 chr9:44611456-44611472	ACTTAAATAAAAAAAAAAG CACTTAAATAAAAAAAAA TGTTTATTAATTAATAACT ATGTTTATTAATTAATAAC	CTTTTTTTTATTTAAGT TTTTTTTTTATTTAAGTG AGTTTAATTAATAAACA GTTTAATTAATAAACAT
<b>TF: Irx1</b>			
<b>Target</b>	<b>Genomic location</b>	<b>Site</b>	<b>Reverse complement</b>
Anxa13	chr15:58220888-58220904 chr15:58220887-58220903 chr15:58220764-58220780 chr15:58220763-58220779 chr15:58220544-58220560 chr15:58220543-58220559	GTTTAATAAGTAACTTT CGTTTAATAAGTAACTT TACTTACATGACGATTC ATACTTACATGACGATT ATTCTACAAATAAATGC CATTCTACAAATAAATG	AAAGTTACTTATTA AAC AAGTTACTTATTAACG GAATCGTCATGTAAGTA AATCGTCATGTAAGTAT GCATTTATTTGTAGAAT CATTATTTGTAGAATG
Fabp4	chr3:10208691-10208707 chr3:10208690-10208706	CTGAGTCATGTTTTTAA TCTGAGTCATGTTTTTA	TTAAAAACATGACTCAG TAAAAACATGACTCAGA
Lgr4	chr2:109756870-109756886 chr2:109757734-109757750 chr2:109757735-109757751	TGGGTTTCATAAAAATG AGTTTTGCATGTACCTA GTTTTGCATGTACCTAA	CATTTTTAATGAACCCA TAGGTACATGCAAAACT TTAGGTACATGCAAAAC
Ttc36	chr9:44611543-44611559 chr9:44611503-44611519 chr9:44611502-44611518 chr9:44611449-44611465 chr9:44611448-44611464	TATGTACACTTTTTACT AATAAACATGTTTAAAA AAATAAACATGTTTAAAA ACTTGACATGTTTATTA AACTTGACATGTTTATT	AGTAAAAAGTGTACATA TTTTAAACATGTTTATT TTTAAACATGTTTATTT TAATAAACATGTCAAGT AATAAACATGTCAAGTT
<b>TF: Tcfap2b</b>			
<b>Target</b>	<b>Genomic location</b>	<b>Site</b>	<b>Reverse complement</b>
Cdh1	chr8:109127193-109127206 chr8:109127225-109127238	GCGTCCCCAGCCAA GTGCCTGCGGGCTC	TTGGCTGGGGACGC GAGCCCGCAGGCAC
Esrp1	chr4:11313768-11313781	CACACCCTGGGCAG	CTGCCCGGGGTGTG
Lad1	chr1:137715255-137715268 chr1:137715256-137715269	CTGCCCGGGGCAG TCGCCCGGGGCAGC	CTGCCCGGGGCAG GCTGCCCGGGCGA
Mal	chr2:127483876-127483889 chr2:127483469-127483482 chr2:127483099-127483112 chr2:127482167-127482180 chr2:127482066-127482079 chr2:127482044-127482057 chr2:127481962-127481975 chr2:127481953-127481966	CTACACTGGGCCAC ATGACTTAAGGGGA GCTCCCCAGGTCAA CTGCCTGAGGGCAG ATCGCCTCTGGCGC CTGCCCTAGAGGAC GCGCCCTCCCGCGC GTGGCCGCGGCACC	GTGGCCCAGTGTAG TCCCCTTAAGTCAT TTGACCTGGGGAGC CTGCCCTCAGGCAG GCGCCAGAGGCGAT GTCCTCTAGGGCAG GCGCGGGAGGGCGC GGCGCCGCGGCACC
Pou3f3	chr1:42752597-42752610	GCGGCGGAGGGTAA	TTACCCTCCGCCGC
Ppp1r11	chr17:37088602-37088615 chr17:37088601-37088614	CACCCCTGGGGAAA CCACCCCTGGGGAA	TTTCCCAGGGGTG TTCCCAGGGGTGG
Sim1	chr10:50615787-50615800 chr10:50615868-50615881	TTACCCTCAGCCAT TTCCAGAAGGTAA	ATGGCTGAGGGTAA TTACCTTCTGGAAA
Wfdc2	chr2:164387851-164387864 chr2:164387954-164387967	ATCACTGCAGCCTT TTGCCCTCAGGCCT	AAGGCTGCAGTGAT AGGCTGAGGGCAA

	chr2:164387955-164387968 chr2:164388410-164388423 chr2:164388677-164388690 chr2:164388700-164388713	TGCCCTCAGGCCTT TATCCTTGAAGCTT GGCCCCTGGGCCAA AATCCTTGGGGTTG	AAGGCCTGAGGGCA AAGCTTCAAGGATA TTGGCCCAGGGGCC CAACCCCAAGGATT
<b>TF: Sox8</b>			
<b>Target</b>	<b>Genomic location</b>	<b>Site</b>	<b>Reverse complement</b>
Chrd11	chrX:139830272-139830288 chrX:139830148-139830164 chrX:139830044-139830060 chrX:139830037-139830053 chrX:139829987-139830003 chrX:139829951-139829967 chrX:139829948-139829964 chrX:139829945-139829961 chrX:139829929-139829945 chrX:139829901-139829917 chrX:139829852-139829868 chrX:139829600-139829616 chrX:139829526-139829542 chrX:139829510-139829526 chrX:139829241-139829257 chrX:139829234-139829250	GCTTGTTCAATTCCCTT ATTCAATTTGTGCTGTA TTGTTAACAAGAGAGAG TATTCATTGTTAACAA TACTTAAGTATTAGTAT ACAATAATTGTCCTTTG GAAACAATAATTGTCCT ACTGAAACAATAATTGT CAAGGCACAAATGAAAA CAGCAAACAAAAACCTA AATGCAATTGATGCTCA ACCATATCAATATTAGT AAATGGATAAATACTCAT GGGTGTTTTGTACATGA CTGCTAAATATTTTGAG CTACTAACTGCTAAATA	AAGGGAATTGAACAAGC TACAGCACAAATTGAAT CTCTCTCTTGTTAACAA TTGTTAACAATGAAATA ATACTAATACTTAAGTA CAAAGGACAATTATTGT AGGACAATTATTGTTTC ACAATTATTGTTTCAGT TTTTCATTTGTGCCTTG TAGGTTTTTGTGTTGCTG TGAGCATCAATTGCATT ACTAATATTGATATGGT ATGAGTATTATCCATTT TCATGTACAAAAACCCC CTCAAAATATTTAGCAG TATTTAGCAGTTAGTAG
Fstl5	chr3:75877719-75877735 chr3:75877722-75877738 chr3:75877949-75877965 chr3:75878395-75878411 chr3:75878735-75878751 chr3:75878899-75878915 chr3:75878904-75878920 chr3:75878963-75878979 chr3:75878982-75878998	TCGGACATAATAAAAAAC GACATAATAAAAACTGT TTTTAATTCCTTTCCA TGCAAAACAGTTACGTC GATTCTGTAGTTCTAAC AAGAATAGAATATTGTT TAGAATATTGTTATAAAA TAAAAATAAGTTATTT ATTTCTATAATTTGAGA	GTTTTTATTATGTCGGA ACAGTTTTTATTATGTC TGGAAAAGAATTAATAAAA GACGTAAGTGTGTTGCA GTTAGAACTACAGAATC AACAAATTCTATTCTT TTTATAACAATATTCTA AAATAACTTATTTTTAA TCTCAAATTATAGAAAT
Lhx8	chr3:153994347-153994363 chr3:153994249-153994265 chr3:153994235-153994251 chr3:153993813-153993829 chr3:153993107-153993123 chr3:153993104-153993120 chr3:153993098-153993114	AACAAAACCATGCTTTT ATTACTTTTATTTATTT GAAGTTATTTTTTAATT ACCTAAACAAAGATTTCG AAAAAAATTGTCAGGTC ATAAAAAAATTGTCAG TACGTAATAAAAAAAT	AAAAGCATGGTTTTGTT AAATAAATAAAAGTAAT AATTAATAAAATAACTTC CGAATCTTTGTTTAGGT GACCTGACAATTTTTTT CTGACAATTTTTTTTAT ATTTTTTTTATTACGTA
Lix1	chr17:17538284-17538300 chr17:17538293-17538309 chr17:17538296-17538312 chr17:17538386-17538402 chr17:17538392-17538408 chr17:17538632-17538648 chr17:17539196-17539212 chr17:17539199-17539215 chr17:17539218-17539234 chr17:17539515-17539531	ATCATTATAATAGCATT ATAGCATTTATTATCAC GCATTTATTATCACTGC CATTCTATTTATATAGT ATTTATATAGTCTTTAA CAAAGTGTTATTTTACA TCAGGATTAATTAAGT GGATTAATTAAGTCAA TTGGGAACGATTTGTCT GGCAGCACATTTAAAGA	AATGCTATTATAATGAT GTGATAATAAATGCTAT GCAGTGATAATAAATGC ACTATATAAATAGAAATG TTAAAGACTATATAAAT TGTAATAAACACTTTG ACTTTAATTAATCCTGA TTGACTTTAATTAATCC AGACAAATCGTTCCCAA TCTTTAATGTGCTGCC

	chr17:17539715-17539731 chr17:17540133-17540149	CATACAACAAAGATAAG ATTTAAATTGTTCCCGA	CTTATCTTTGTTGTATG TCGGGAACAATTTAAAT
Slitrk4	chrX:61531633-61531649 chrX:61531629-61531645 chrX:61531270-61531286 chrX:61531207-61531223 chrX:61531206-61531222 chrX:61531205-61531221 chrX:61531204-61531220 chrX:61531202-61531218 chrX:61531200-61531216 chrX:61530840-61530856 chrX:61530775-61530791 chrX:61530745-61530761 chrX:61529851-61529867 chrX:61529844-61529860 chrX:61529841-61529857	AGATTGATAATTTAGTT ACACAGATTGATAATTT AGAGGCATTGTGTGCAT AAAAAAAAAAAAACCCC AAAAAAAAAAAAAACCC GAAAAAAAAAAAAAACCC GGAAAAAAAAAAAAAAC AGGGAAAAAAAAAAAAA ATAGGGAAAAAAAAAAAA TGGCTAACTGTCATCCC TTAACAACAATGACATT ACTTGAATAATTCCAGA CTAAAAATAATAAGCTA CCAACAATAAAAAATA ACTCCAACAATAAAAA	AACTAAATTATCAATCT AAATTATCAATCTGTGT ATGCACACAATGCCTCT GGGGTTTTTTTTTTTTT GGGTTTTTTTTTTTTTT GGTTTTTTTTTTTTTTT GGTTTTTTTTTTTTTTT GTTTTTTTTTTTTTTTC GTTTTTTTTTTTTTTCC TTTTTTTTTTTTTTCCCT TTTTTTTTTTTTTTCCCT GGGATGACAGTTAGCCA AATGTCATTGTTGTTAA TCTGGAATTATTCAAGT TAGCTTATTATTTTAG TTATTTTTAGTTGTTGG TTTTTAGTTGTTGGAGT
Tmem56	chr3:120967584-120967600 chr3:120967525-120967541 chr3:120967496-120967512 chr3:120967104-120967120 chr3:120967099-120967115 chr3:120967096-120967112 chr3:120966978-120966994 chr3:120966870-120966886 chr3:120966786-120966802 chr3:120966779-120966795 chr3:120966698-120966714 chr3:120966693-120966709 chr3:120966688-120966704 chr3:120966678-120966694	AAATACACTATGGAAAT ACATCTATAATTCTCTA CTCCTGATAATGCACCA AATTCAATTATTTCTGA GGAACAATTCAATTATT AATGGAACAATTCAATT TGGAAAGCAATAGAACC TACATATTTGACCTAAT TTCTACATAAATCGAAT AGATGAATTCTACATAA AACTAAATAATGCAGAG AATAAAACTAAATAATG ACTGGAATAAAACTAAA GATCCAATTAACTGGAA	ATTTCCATAGTGTATTT TAGAGAATTATAGATGT TGGTGCATTATCAGGAG TCAGAAATAATTGAATT AATAATTGAATTGTTCC AATTGAATTGTTCCATT GGTTCATTGCTTTCCA ATTAGGTCAAATATGTA ATTCGATTTATGTAGAA TTATGTAGAATTCATCT CTCTGCATTATTTAGTT CATTATTTAGTTTTATT TTTAGTTTTATTCCAGT TTCCAGTTAATTGGATC
<b>TF: Foxi1</b>			
<b>Target</b>	<b>Genomic location</b>	<b>Site</b>	<b>Reverse complement</b>
1110017F19Rik	chr11:115772421-115772433 chr11:115773566-115773578	AGGTATTAATAGA CCTTGTTTGCTCT	TCTATTAATACCT AGAGCAAACAAGG
Cldn8	chr16:88563100-88563112	TGATGTTGGCATG	CATGCCAACATCA
Dsc2	chr18:20219421-20219433	TTATATTTGTTTC	GAAACAAATATAA
Ehf	chr2:103143480-103143492 chr2:103143461-103143473	ATTACAAACATTG TAAAAAATAAAAA	CAATGTTTGTAAT TTTTATTTTITTA
Endod1	chr9:14187136-14187148 chr9:14185872-14185884 chr9:14185868-14185,880	ACATGTTTACTTT TAAATAAATACTG TAAATAAATAAAT	AAAGTAAACATGT CAGTATTTATTTA ATTTATTTATTTA
Exph5	chr9:53108796-53108808 chr9:53109168-53109180 chr9:53109402-53109414 chr9:53109420-53109432 chr9:53109482-53109494	TGGTATTTGTGGA TTGGCAAATAAATT CCAGCAAATAGCA CAAGCAAATACTT GCTTGTTTGCTTA	TCCACAAATACCA AATTATTTGCCAA TGCTATTTGCTGG AAGTATTTGCTTG TAAGCAAACAAGC
Foxq1	chr13:31648955-31648967	AAAATAAACTTCA	TGAAGTTTATTTT

	chr13:31650003-31650015	AAAACAAACAACC	GGTTGTTTGT
Gjb1	chrX:98571990-98572002 chrX:98572486-98572498	TTCTGTTTACCTA TCTTGTTTAATGA	TAGGTAAACAGAA TCATTAACAAGA
Gsdmc	chr15:63640588-63640600	TTCACAAACAAGT	ACTTGTTTGTGAA
Muc1	chr3:89033297-89033309	TAGGCAAATAATA	TATTATTTGCCTA
Pde8b	chr13:96021126-96021138 chr13:96020763-96020775	AAATATTTATTAT ACATGTTTCCAGA	ATAATAAATATTT TCTGGAAACATGT
Rnf186	chr4:138522998-138523010	TAAAGAAATAATA	TATTATTTCTTTA
Slc8a1	chr17:82138259-82138271 chr17:82137904-82137916 chr17:82138259-82138271 chr17:82137904-82137916	AGACATTTATTTA AAAATACACATAT AGACATTTATTTA AAAATACACATAT	TAAATAAATGTCT ATATGTGTATTTT TAAATAAATGTCT ATATGTGTATTTT
Sox6	chr7:123182219-123182231 chr7:123139645-123139657 chr7:123139826-123139838	AGCTGTTTGTGTT TTCACAAACAACC GAGTGTTTGCAG	AACACAAACAGCT GGTTGTTTGTGAA CTCGAAACACTC