Supplemental Table 2. Select Putative MBS Sites Located < 5 kb Upstream of Gene Loci

Gene Locus	Relative Position[a]	MRE Sequence[b,c]
Adam4	-62	aaggATGTTGAACATtttt
Adam19	-2696	gactATGTCTCACTTGTTCCCTCATGAACATtaag
Adam21	-614	agtcATGTGAAACACattg
Akt1	-336	taccATGTGGATCCCAGGGATCAAACATgggt
Bcl11b	-48	atggATGTCACGATGCTCCACCGCTCCCCCAAACATgtga
Bmp1	-219	cagaATGTTCTAAAAATCTGACTTTTTTTTAACATtctc
Ccl2	-571	acctATGTAAGTGTGGATATGGGTCTGTAACATgagt
Ccl2	-142	atacATGTGTGGGTATATAACTAATATATAATAAACACatgg
Ccl7	-4545	ggttATGTAGAGGCTGTGTCACAACTAAACACtatt
Cd63	-512	tcccATGTGTTGAGATAACATgtgt
Cdc27	-2717	tacgATGTTCTGTCTAACATttat
Cdc27	-503	gtccATGTTTAACATaaaa
Cdc27	-268	agtgATGTGTGAGGACCTGAGATCGCTAACAAACATacag
Cxcl5	-3335	acctATGTAGAACACagtt
Cxcl5	-335	aaacATGTGGTTGTTTAACATtgtc
Daam1	-169	aaatATGTTGCTATAAACATgtac
Dlx3	-423	cctgATGTGGTAAAACATcgaa
Fgf18	-2263	gggcATGTCCAACACccct
Foxn1	-2243	tggaATGTGAGGAACACtgtc
Foxn1	-1803	tgggATGTACTGCTACCAGCCTCCCTTGCAACATatgt
Foxn3	-1182	ttagATGTTTCAATTAGGACCCCCAACATggct
Foxn3	-115	cagcATGTCACGTGCTGATGAACACcatg
Fst	-1066	gtgtATGTGAAAGAGCAGTTTTGTATAACACtgct
Gdf9	-557	tagaATGTAGCTGTGAACATgtca
Gdf11	-1760	tgggATGTTTAGTTTATAAAATGAACATttat
Gli3	-3431	aaccATGTTGAGGGGGACTGGAACATtact
Gli3	-2178	cattATGTGGTATAATTTGTTCTTGATTGTGAACATccca
Hdac9	-3348	ttctATGTTGGTTCATTTTAACATttat
Hdac9	-2948	cctaATGTAAAACATattc
Hdac9	-1598	tcagATGTAACATgaag
Hnf1b	-1333	gtatATGTTTGTGTATATTATATATCAACATgtag
Hnf1b	-583	atggATGTATGTGTCCTGCACCCTCAGGAACACtgct
Hoxb7	-999	ccatATGTTCCGTCACACAGGCCCAAAACACaact
Hoxb2	-1066	aaatATGTCCACAGGCAGTGTTTAACATctta
Hoxb2	-59	acacATGTGGTACACAGACATACATTCAGGCAAACATtc
Ifng	-2229	gacaATGTCCTGAAACACagga
Ifng	-2059	caacATGTTTTAGGAACACacac
Igf1	-5081	tgaaATGTGACATTGCTCTAACATctcc
Il3	-4276	agttATGTCTTGTTTTTATTTGTTTGGACCTAACATgaag
Il3	-4224	ctgaATGTCTATATTTCCCCTCCCTAGGAACATgttg
Il9	-1422	agtcATGTGCACATGCCCACATGCAAACAAACACacct
Il9	-67	attcATGTGCCAATCCTTACATAACACccat
Ins2	-4662	acatATGTAAACATggca
Itga3	-3165	tgggATGTAACAGAAAAAGTCACTAAACAAGAACACcccc
Itga3	-1910	cgagATGTGTAACAGCAACACtgac

Itga3	-1047	atatATGTTATATTATATAACACacat
Lhx1	-955	agggATGTGACCGAAGTCCCAACACcgtt
Lhx1	-2463	agggATGTGACCGAAGTCCCAACACcgtt
Max	-3139	agaaATGTTAAAATACTTGAAACACagat
Max	-991	gaaaATGTTCTGTGGGTCCTAACATgaaa
Meis1	-3759	gtccATGTGTATGTTCAGCTGTAAAAGGCAACACaagc
Meox2	-1404	agcaATGTTAGTAAAGCCAACATctgc
Meox2	-407	acttATGTAAACATtcat
Mmp2	-309	ggcaATGTGGACCTGGGGGTAAGTAAGGGAAACATtctg
Mmp3	-1661	aggcATGTCATGCTTTAATTTTATAAAACCTATAACATcttt
Mmp13	-93	caacATGTGAGCTGTGGAAAAGTTATAAACATgtga
Mmp28	-1895	ctctATGTATTTACATATTCTGAACATtctg
Mmp28	-1678	taaaATGTGGTATTTGTGGAGTTGGGGAGTTTGAACATttct
Myf5	-2443	aaaaATGTAAATTTCCCCATAAATAACATtgaa
Myf5	-529	gaaaATGTAATGAAGCTTTCATTTAAAAGTAATAACACtgac
Myocardin	-2350	cagaATGTTTACATCTGTGAACATgttt
Myogenin	-4062	taggATGTCTATGGTAACATtcta
Myogenin	-167	tagcATGTTCATGGAGCTGAAACATgttg
Myom1	-2942	atccATGTCAATATTATGTCTAACATggta
Myom1	-2808	attgATGTACTTAAACATttat
Myom1	-519	tactATGTTATAAAAACACatta
Notch1	-1037	tacaATGTTACAGGTCTATCAGCAACAGAACATctga
Notch1	-50	caggATGTCCAAACATcaag
Numb	-3022	caaaATGTCATTTCAGAAAACACccaa
Pbx2	-1372	tcagATGTCTCTCTTAAATCTACAACCTAACACcagt
Pcdh9	-635	gaaaATGTTAACATaaag
Pcdh9	-248	tgcaATGTTATTATGACATGTGGAACACataa
Prr6	-3188	acgtATGTTAAATACACTAACATttgg
Psen1	-3432	cttcATGTCATGGTGGCCCCAATCATAACATtatt
Psen1	-478	gtgtATGTAACACaata
Rock2	-1536	cctgATGTGTTTTACTTAACTAACATgtat
Six4	-831	caaaATGTCTTCAAACATtgtg
Six6	-2529	gaaaATGTATGCATGTGTATACATAAACATatgc
Six6	-643	tcaaATGTCTGAAACAGATGGAAACACccac
Six6	-406	tttcATGTTGAAATCTTGGGGCCACCAACATtgtt
Smad5	-3378	acacATGTGGTAGTTTAAACCCAAAACACatgt
Smad5	-1676	ggagATGTTACCAGTTCAGTTCTCTAAGTGCTAAACATgagc
Sox4	-1239	gtgtATGTATGTTTAATATAACATgaca
Sox9	-311	gtggATGTGTGCGTGTGTTGTGACACGGGACAACACatgc
Sparc	-3810	gggaATGTGGAGCAAGAAGAAAGAAACTGGAAACATtcaa
Sparc	-1890	tggtATGTCTTCTCATCCTAACATcttg
Tbx4	-1324	atacATGTGAGAAACTGCATTTTTCTCCCAAACACagat
Tcf7	-414	catcATGTGTTGTGTGTAATTTTTAAAACACataa
Tnfsf13	-1569	agagATGTGACTACAGGGTTAAGTGACATAACACcaac
Wnt5a	-1345	agggATGTGGAGAGGAACACttgt

[a] the position of the MRE is defined by setting the reported transcriptional start site as +1

[b] potential MRE are identified using ATGTN{0,25}AACAY as a query using Regulatory Sequence Analysis Tools (http://rsat.ulb.ac.be).

[c] the MRE and spacer sequence are capitalized