Table S1. Sequence details of competitive nucleosome binding assays

Binding site location	p63 binding site	Nucleosome Sequence
SHL 0	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTGGGCATGTCCGGGCATGTCCTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGAGGTTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 0.5	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCGGGGGCATGTCCGGGCATGTCCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGAGGTTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 4	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCGGGCATGTCCGGGCATGTCCCAGATATATACATCCTGTGAGGTTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 4.5	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGGGGCATGTCCGGGCATGTCCATATACATCCTGTGAGGTTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 7	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATAGGGCATGTCCGGGCATGTCCCAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 6.5	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATGGGCATGTCCGGGCATGTCCTTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL8	High Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGCGGGCATGTCCGGGCATGTCCGGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 0	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTAGACT**G**GGCATGTCTGGGCATAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGCATGTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 0.5	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**A**GACTGGGCATGTCTGGGCAG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGCATGTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 4	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCAGACTGGGCATGTCTGGGCACAGATATATACATCCTGTGCATGTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 4.5	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGAGACTGGGCATGTCTGGGCAATATACATCCTGTGCATGTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 7	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATAAGACTGGGCATGTCTGGGCACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 6.5	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATAGACTGGGCATGTCTGGGCATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
SHL 8	Intermediate Affinity	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGCAGACTGGGCATGTCTGGGCAGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
601-Modified	Control	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGAGGTTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC
601	Control	GATGGACCCTATACGCGGCCGCCCTGGAGAATCCCGGTGCCGAGGCCGCTCAATTGGTCGTAGACAGCTCTAGCACCGCTTAAACGCACGTACGCG**C**TGTCCCCCGCGTTTTAACCG CCAAGGGGATTACTCCCTAGTCTCCAGGCACGTGTCAGATATATACATCCTGTGCATGTATTGAACAGCGACCTTGCCGGTGCCAGTCGGATAGTGTTCC