

Table S2. Probes used for Runx3 locus EMSA.

Name	Location	Probe Length	Sequence 5' to 3' Potential consensus and variant binding site(s) underlined
-173	-172,926	40	AGTATGATATTAATTAATTAATTTATATATTTATATGTGG
-171	-170,997	66	TTATTTAAGTTCTGATATTATTATCCTTCCTAGTAGGACCCTAAT TAATTAATCATATAGAATCGG
-95	-94,814	54	ATGAATATTTTACAAGAAACCGGAATTATTAATGTTTCAATAAAA ACCCAAACC
-94	-94,381	72	TATGGAATACATAATAGCATCAATAATTAAGTATAAATCGGGTT TAATATTTTATGCTGGCGACATGTAATT
-89	-88,761	40	ATAGTGAGACTCAAATAATTAATAATAATAATAGTGTTGT
-79	-79,212	39	ACATGCAGCAAACCTGGTGTCATTATAATTAATGCTAGTC
-72	-71,952	40	TAAGGATAGGGTATAGTTAATTATTATTAATACGCGTTAA
-25	-25,378	49	TTAATTAATACTAATTAATTAACCAATTAATTAATTAATTAAGGGAT GGTT
+26	+26,474	79	CGGCCTCTGAGATTAATTAAGTTTCACAAGGACTGACAGGCA TTAAGACCTTTTTGGAGGGGTGGAAAATCCCTAATA
+35	+35,739	49	TTCAGCATTAATTAATAACAGGGCGTTATTTGCATGTAATAACT GTTTA

Location of binding sites are given relative to Runx3 transcription start site.