Table S2

L1.3 / DT40 WT cells

pWLE23.1a
5’ end
GGGCTGGCCCTTTGTAGTAAAGACGAATTTCAGATCTCTGAAGCTGGGTACCTAGCT

gg_chr24+
GGGCTGGCCCTTTGTAGTAAGAGCTGGGTACCTAGCTAGCTAAGCTAGCTTGC

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGATTTCAAGCAAGATTTCTCTAGCTAAGCTAGCT

pWLE25.1a
5’ end
ACATGCTTTTAAGAGCATAGAGTCAGATCTCTGAAGCTGGGTACCTAGCTAGCT

gg_chr2+
ACATGCTTTTAAGAGCATAGAAACTGTAACCTGTTAGTTTTGCTGGCCAAGAAGTTTCTCTTAAAG

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGATTTCAAGCAAGATTTCTCTAGCTAAGCTAGCT

pWLE25.2a
5’ end
TTTGTTTGACCAACAGAACACAATTTGTTTATAAGCTCTCTAGCTAGCTG

gg_chr20−
TTTGTTTGACCAACAGAACACAATTTGTTTATAAGCTCTCTAGCTAAG

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGATTTCAAGCAAGATTTCTCTAGCTAAGCT

pWLE25.3a
5’ end
GAATATCCACAATCTAGCAGCTCAGGCAAAGAATTCTGTCGCTCTTAGCTAGCTAG

gg_chr1+
GAATATCCACAATCTAGCAGCTCAGGCAAAGAATTCTGTCGCTCTTAGCTAGCTAG

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGAAATTTGTCGCTCTTAGCTAGCTAAGCT
pWLE25. 4a
5’ end  CCAAGAAAAGACATGCGCATCTCTTAGAAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGC
gg_chr1-  CCAAGAAAAGACATGCGATTTTTCTTTTTTATGGCTACCAAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGC
3’ end  AAAAAAAGAAAAGACATGCGATTTTTCTTTTTTATGGCTACCAAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGC

pWLE27. 7a
5’ end  AGTGCTAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAGATCTCTAAGAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA
gg_chr4-  AGTGCTAAAAGAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAGATCTCTAAGAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA
3’ end  AAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAGATCTCTAAGAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA

pWLE28. 3a
5’ end  ACTTTTTGTGAAGCT7TGCAAGACCGAGATCTGCAAGACCGAGCTGATGAGCTGAAGATCTCTACATCTAGCAAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA
gg_chr 4 +  GAAAAGGGA4AGCTGCTGAAACCCGACCACTGCAAGACCGAGCTGATGAGCTGAAGATCTCTACATCTAGCAAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA
gg_chr4 +  GGGATGCACTCAAAATTGCAGATAGAAAACATGGAGAGAAGCGATGCTTATGAGTGGCTCTGTTCAGGCTTATTTTTCCACAAGGG
3’ end  AAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAGATCTCTACATCTAGCAAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA

pWLE28. 5a
5’ end  TTACACTGCACTGCATCTGACATTTAGACTCAACATACAACTTCAATGCTGTCTTGGGCTACCAAGCTGCTAGCA
gg_chr20 -  TTACACTGCACTGCATCTGACATTTAGACTCAACATACAACTTCAATGCTGTCTTGGGCTACCAAGCTGCTAGCA
3’ end  AAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAAAAAGAAAAGATCTCTACATCTAGCAAAGCTGGGTACCAAGCTGCTAGCA
pWLE34. 4a
5' end
AAGCTTATTTCAGTATTCAGTTGCTTTTGAAAATGGATGAAATTTGGAACATTCTCTCAGTAA
gg_chr1+
AAGCTTATTTCAGTATTCAGTTGCTTTTGAAAATGGATGAAATTTGGAACATTCTCTCAGTAA
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pWLE34. 5a
5' end
TGAATATCAATAAACAGTGGTTGAAAGAAAAGAGATCTCTGAGGTAACAGCTGCTAGCAAGC
gg_chr5+
TGAATATCAATAAACAGTGGTTGAAAGAAAAGAGATCTCTGAGGTAACAGCTGCTAGCAAGC
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pWLE34. 7a
5' end
AAAACATTTCCATTTTCTTTAAAACAGAAGAGATCTCTAGAAGCTGGAACATTCAAGCTGCTAGCAAGC
gg_chr1 -
AAAACATTTCCATTTTCTTTAAAACAGAAGAGATCTCTAGAAGCTGGAACATTCAAGCTGCTAGCAAGC
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pWLE35. 1a
5' end
GCATTTCAGTATTCACAAAGAAAACAGAAGATCTCTACACATATTCTCCAGGGAACCTCCAGAATATGCA
gg_chr1 +
GCATTTCAGTATTCACAAAGAAAACAGAAGATCTCTACACATATTCTCCAGGGAACCTCCAGAATATGCA
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
pWLE35.2a
5´end  AAGTTGCTACTGAGCATCTGTGCTAAAAATGGTGAAGTATGATGTATACATATGTAACCTAAACCGATCCGAACAA
gg_chr1  -  AAGTTGCTACTGAGCATCTGTGCTAAAAATGGTGAAGTATGAGAGACTGTGTATCCATGAAGTCACACTATATTG
3´end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAATGGAAGTAAAGAGACGTGTGATACCATGAAACTATATTG

pWLE35.3a
5´end  AAGCCTCACTTCCTAAAATCAACAGCATTTTG
gg_chr4  -  AAGCCTCACTTCCTAAAATCAACAGCATTTTG
3´end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGCATTTTGATCCTTTTATTAGCAATGAACCTAAATCCAAAAACTTATTA

pWLE35.5a
5´end  AAAACATAGGGAAGATTATTATGAAATATGAAATAATCCAGGATCTCTAGATGACCATGAGCTGCTTAAAAC
gg_chrZ  +  AAAACATAGGGAAGATTATTATGAAATATGAAATAATCCAGGATCTCTAGATGACCATGAGCTGCTTAAAAC
3´end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGGACCACAGGCAGGACTTTATTGCCAGCCTGGAA

pWLE35.7a
5´end  AGAGCAGAGCATCTCTGAGGGAGATAGAAAGCCAGTGCCTGAGGACTTCATGTCCAAAACACCAAAAGCAATG
gg_chr4  -  AGAGCAGAGCATCTCTGAGGGAGATAGAAAGCCAGTGCCTGAGGACTTCATGTCCAAAACACCAAAAGCAATG
3´end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAATCCAGGACCACAGGCAGGACTTTATTGCCAGCCTGGAA
pWLE35.8a
5’ end  AACTTTGGTTTGTTCATCTCCCTTAAAAAACATATATTTG
gg_chr2  AACTTTGGTTTGTTCATCTCCCTTAAAAAACATATATTTG
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACATATATTTGAAATTTTGAATATTTCATCTGCTTTTCAATTT

pWLE35.9a
5’ end  GCTAGCCATGTATTTGGTCTTGCTTGAAAGAGAAGAAATGCA
gg_chr1  GCTAGCCATGTATTTGGTCTTGCTTGAAAGAGAAGAAATGCA
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGCAGTGATCTCTTTTCACTCTGGTGTCAGTCTCAAATATTTCTAGCTA

pWLE36.1a
5’ end  GTCTAATTAAAGGCTGAACAGTTTCAGAAAGAATGGTTA
g_chr1  GTCTAATTAAAGGCTGAACAGTTTCAGAAAGAATGGTTA
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGGCTGATCTGCTTTTCACTCTGCTGAGTCTCTAAATTTCTAGCTA

pWLE36.2a
5’ end  GCATGTGCTCAGGTATACAGCTGACAACTTCTTAAGAGAAAGC
gg_chr12  GCATGTGCTCAGGTATACAGCTGACAACTTCTTAAGAGAAAGC
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGGCTGATCTGCTTTTCACTCTCTATTTCTAGCTA
pWLE36. 5a
5’ end
TATTTTCTTCTCAAGAATGCTGAGTCGAGAAATATATATGAGTCTCTAGAGCTG

gg_chr5 -
TATTTTCTTCTCAGAGTCTGAGTCGAGAAATATATATGAGTCGAGACCTTAT

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATATATAGTATGCCCAGACCCCTTAT

pWLE36. 6a
5’ end
TTGCTACCGCTCAAGAATGCTGAGTCGAGAAATATATAGTATGCCCAGACCCCTTAT

gg_chr2 +
TTGCTACCGCTCAAGAATGCTGAGTCGAGAAATATATAGTATGCCCAGACCCCTTAT

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATATATAGTATGCCCAGACCCCTTAT

pWLE36. 7a
5’ end
CTGTAAGTTCTGTGACATAGTTGAAATGCTGAGTCGAGGAAGTATACGTGTG

gg_chr11 +
CTGTAAGTTCTGTGACATAGTTGAAATGCTGAGTCGAGGAAGTATACGTGTG

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATATATAGTATGCCCAGACCCCTTAT

pWLE36. 8a
5’ end
GCTCTATCAGAGTTGAAGAGGTTGAGACATACGGCAGACTGCAATCTGAGATCGACATACGTGTG

gg_chr7 +
GCTCTATCAGAGTTGAAGGTTGAGACATACGGCAGACTGCAATCTGAGATCGACATACGTGTG

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATATATAGTATGCCCAGACCCCTTAT
pWLE36. 9a
5' end
GACCCAGATTTCAGTTCCTGTTAATAAGAAGTTCAAACTCTAAAGGAAGAGCCTCTCCTCCTCCT

**gg chr2 +**
GACCCAGATTTCAGTTCCTGTTAATAAGAAGTTCAAACTCTAAAGGAAGAGCCTCTCCTCCTCCT

3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pWLE36. 10a
5' end
GTAGGTTTGGCTTGTTGATAAGGATGTCAGAACCTACTAGCTGGTGATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTA

**gg chr1 -**
GTAGGTTTGGCTTGTTGATAAGGATGTCAGAACCTACTAGCTGGTGATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTA

3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pWLE36. 12a
5' end
GGGATCAGTAACAAACACACACACCTCTCCTACAAAAACAAATATGATCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTA

**gg chr1 -**
GGGATCAGTAACAAACACACACACCTCTCCTACAAAAACAAATATGATCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTA

3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pWLE36. 13a
5' end
CCAAAGTAGCCAGAAGTCTGCTAGTTTTCCTGGCACAGCAGAGGGGA

**gg chr1 +**
CCAAAGTAGCCAGAAGTCTGCTAGTTTTCCTGGCACAGCAGAGGGGA

3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
**L1.3 / DT40 Ku70⁻/⁻ cells**

**p7LE13.1a**

5’ end

ACTGCTTTGCTAGTATTCTTTATATGTGTTAAAAATGTATAATTCTTTATATGTGTTAAAAATGTATAATG

gg_chr4-

ACTGCTTTGCTAGTATTCTTTATATGTGTTAAAAATGTATAATTCTTTATATGTGTTAAAAATGTATAATG

3’ end

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATGATAATGTATTTATCAAGATAAAATACAT

**p7LE13.2a**

5’ end

GATAGAAAAAGTAAATTATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGG

gg_chr2+

GATAGAAAAAGTAAATTATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGG

3’ end

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATGATAATGTATTTATCAAGATAAAATACAT

**p7LE13.3a**

5’ end

CTGTCAAAATACGAATTTACGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGG

gg_chr18-

CTGTCAAAATACGAATTTACGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGG

3’ end

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATGATAATGTATTTATCAAGATAAAATACAT

**p7LE13.5a**

5’ end

CTCATTATTTATGTGTTTTGCTAGCTTACAGTCTAAAAATAATAAAAACAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGG

gg_chr2-

CTCATTATTTATGTGTTTTGCTAGCTTACAGTCTAAAAATAATAAAAACAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGG

3’ end

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATGATAATGTATTTATCAAGATAAAATACAT
p7LE13. 6a
5´ end
TGTTAATCTCAAAAATGAGAAAAACAGAAATAAAGCCTCTTCAAGGACCAAACCATG

3´ end
GGTTAATCTCAAAAATGAGAAAAACAGAAATAAAGCCTCTTCAAGGACCAAACCATG

p7LE14. 1a
5´ end
CTAGCCAGGAGATCTGGACACATTGACATGACTATAGATTTAGGTAGCTG

3´ end
GGTTAATCTCAAAAATGAGAAAAACAGAAATAAAGCCTCTTCAAGGACCAAACCATG

p7LE14. 2a
5´ end
ACATAAACAATAAGACAGATCTGTTGCAAAAACACTTGATTTGCATAGGATCTG

3´ end
GGTTAATCTCAAAAATGAGAAAAACAGAAATAAAGCCTCTTCAAGGACCAAACCATG

p7LE14. 3a
5´ end
ACAAGATCGCAACTCAGATGATGGCATATGCTCCCTGAATAAACCTGCAACAACGATA

3´ end
GGTTAATCTCAAAAATGAGAAAAACAGAAATAAAGCCTCTTCAAGGACCAAACCATG
p7LE15. 2a
5’ end TCCAGAGTGCTCTGCTTGGATTTGCTGCTTGAAGAAATGACAGATAGCTCTTTTTATTGCCGATCCCCTCAGAAGAACTCGTCAAGAAGG
************************************************************
3’ end GGChr12+ TCCAGAGTGCTCTGCTTGGATTTGCTGCTTGAAGAAATGACAGATAGCTCTTTTTATTGCCGATCCCCTCAGAAGAACTCGTCAAGAAGG
************************************************************
3’ end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGACAGATAGCTCTTTTTATTGCCGATCCCCTCAGAAGAACTCGTCAAGAAGG
************************************************************
3’ end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGACAGATAGCTCTTTTTATTGCCGATCCCCTCAGAAGAACTCGTCAAGAAGG
************************************************************
p7LE15.6a
5' end  GCATGTAATTGTTGAGTTGAAAAATAAAGCGGAAAGCAAGAGCAACCAAGCCACACCGTGCTGGTTATTTCTG
gg_chr7- GCATGTAATTGTTGAGTTGAAAAATAAAGCGGAAAGCAAGAGCAACCAAGCCACACCGTGCTGGTTATTTCTG
3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAAAGCGGAAAGCAAGAGCAACCAAGCCACACCGTGCTGGTTATTTCTG

p7LE16.1a
5' end  GGGTTTACCATTAGTGAGTTGAAAAATAAAGGAGGCACAAAATAAGGAAAGGACACATTCCATG
gg_chr2- GGGTTTACCATTAGTGAGTTGAAAAATAAAGGAGGCACAAAATAAGGAAAGGACACATTCCATG
3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAAAGGAGGCACAAAATAAGGAAAGGACACATTCCATG

p7LE16.2a
5' end  TTAGACAAGACTGTCATGAAAAGTTTTTAAAATATTAGCAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGC
gg_chr5+ TTAGACAAGACTGTCATGAAAAGTTTTTAAAATATTAGCAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGC
3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAAAGGAGGCACAAAATAAGGAAAGGACACATTCCATG

p7LE16.4a
5' end  GACAAGAGCCTGCTCATTAATTGTCGAGTTGAAAAATAAAGATCTCTGCGGTCAGGGAAGGGAGGGAGGGGATAGCATTGGAATGATAT
gg_chr6+ GACAAGAGCCTGCTCATTAATTGTCGAGTTGAAAAATAAAGATCTCTGCGGTCAGGGAAGGGAGGGGATAGCATTGGAATGATAT
3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAAAGGAGGCACAAAATAAGGAAAGGACACATTCCATG
p7LE18.2a
5’ end
TTTCACCGATATCCCTAAGTAACAGCTAGTTTAAGAACAACAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAG
3’ end
TTTCACCGATATCCCTAAGTAACAGCTAGTTTAAGAACAACAAGACAAAAAGCAAGAAAGAAATCCC
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGACAAAAACAAACAAACAAAAAGCAAGAAAGAAATCCC

p7LE18.6a
5’ end
CCCTTAATTCTGCAATGCTAAAATTAATTAGAT
3’ end
CCCTTAATTCTGCAATGCTAAAATTAATTAGAT
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTTTCTAGTAAATCTCCGATGGGACACAGACACATGGTACACATGGTAACACATGGTACAGTGTTAAAATAAAGGGCAACAGACTTCGCTCTCCTGCTCTCCGCTGA

p7LE19.1a
5’ end
TAATTTTTTAGCAAATGGTTTCATTGTGTAAGGACAGGTA
3’ end
TAATTTTTTAGCAAATGGTTTCATTGTGTAAGGACAGGTA
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTTTCTTAGTAAATCTCCGATGGGACACAGACACATGGTACACATGGTACAGTGTTAAAATAAAGGGCAACAGACTTCGCTCTCCTGCTCTCCGCTGA

p7LE19.3a
5’ end
CTTCTGATTTGCAATTTTTTAGCAAATGGTTTCATTGTGTAAGGACAGGTA
3’ end
CTTCTGATTTGCAATTTTTTAGCAAATGGTTTCATTGTGTAAGGACAGGTA
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTTTCTTAGTAAATCTCCGATGGGACACAGACACATGGTACACATGGTACAGTGTTAAAATAAAGGGCAACAGACTTCGCTCTCCTGCTCTCCGCTGA
p7LE19. 6a

5’ end  
AATAGTGTTTTTCTAGATGAAAAGCATCTCTCAOGGGCAAGACAGACTGCTCTCA

gg_chr3 +  
AATAGTGTTTTTCTAGATGAAAAGCATCTCTC

3’ end  
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGCAATCTCTCTAGCTGAAAAATCAAGTAC
L1.3 / HeLa-RC cells

pHLE1.2a
5’ end
TTGAAATATGCACCTTTATATTTTAAAGATTTACAGATCTCTTAGAAAGCTGCTAGCTAGCTAAGCTTGGCTAG

hs chr4 -
TTGAAATATGCACCTTTATATTTTAAAGATTTACACCAAGAATTGCCAGTTTTAAATCTATATTGAGTTATATAA

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATTTACACCAAGAATTGCCAGTTTTAAATCTATATTGAGTTATATAA

pHLE1.4a
5’ end
TCCATTTCATCCAAAAAGCAAAACAAAACGAACTCAAGTTAAAAAAAAAAAAGTC

hs chr2+
TCCATTTCATCCAAAAAGCAAAACAAAACGAACTCAAGTTAAAAAAAAAAAAGTC

3’ end
GCTGCAATAAAACAGTTAACAAAAAAAGAAAAAAAAAGAGTGAAATTAAAAAGCTAATATTATAATTACTCATG

pHLE1.5a
5’ end
TTTGCAACAGGAGGAGGTACTCTCATATTTGAAA

hs chr3 +
TTTGCAACAGGAGGAGGTACTCTCATATTTGAAA

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGTGAAATTAAAAAGCTAATATTATAATTACTCATG

pHLE1.6a
5’ end
GCCACTTGGTTTATCTGTTAAAATACCTATGCTAGATGACACATTAGTGGGTGCAGCGCACCAGCATGGCACATG

hs chr17 +
GCCACTTGGTTTATCTGTTAAAATACCTATGCTAGATGACACATTAGTGGGTGCAGCGCACCAGCATGGCACATG

3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGTGAAATTAAAAAGCTAATATTATAATTACTCATG
pHLE2.3a
5’ end
GGCGGCTGTCACGCTGTTCAAAATGTTGGCACTATACCCATGGAATATCATTAGCAAGCCATAAAAAAT
hs_chr2+
GGCGGCTGTCACGCTGTTCAAAATGTTGGCACTATACCCATGGAATATCATTAGCAAGCCATAAAAAAT
hs_chr3 +
TTCTAAATAGTTAATACCCATGTCATTTAAACACTTGGAATTGGAATACATATCGCCATAAAAT
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCTCAGTGCATTTGCAAGTAAAAATGGGAAGGAA

(Comment)
hs_chr2
GGCGGCTGTCACGCTGTTCAAAATGTTGGCACTATACCCATGGAATATCATTAGCAAGCCATAAAAAAT
hs_chr3 +
GGATGGAGGTTACAAGGAAA

hs_chr3 -
GGATGGAGGTTACAAGGAAA

11653408

pHLE2.5a
5’ end
GTAAATTAATATAGCTTTTCATCTTAAGGGAGGAAAATGGAAGCT
hs_chr2 -
GTAAATTAATATAGCTTTTCATCTTAAGGGAGGAAAATGGAAGCT
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAGTTTAAATTATTCAAAATTTAAAACGTGTATATCCTTTTATTTTTAATTTGTACTATT

pHLE2.9a
5’ end
ATAAAAATGTTAGTTAAACACATTATCTTTTCCAAATGCGG
hs_chr4 -
ATAAAAATGTTAGTTAAACACATTATCTTTTCCAAATGCGG
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAGTTTAAATTATTCAAAATTTAAAACGTGTATATCCTTTTATTTTTAATTTGTACTATT

pHLE2.10a
5’ end
GCATATATAGTTGAAACACTGTAAGAAGAAAGCAGCATTTGATATACAAAAAAATGTTGGCACTATACCCATGGA
hs_chr6 -
GCATATATAGTTGAAACACTGTAAGAAGAAAGCAGCATTTGATATACAAAAAAATGTTGGCACTATACCCATGGA
3’ end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTAGTTTAAATTATTCAAAATTTAAAACGTGTATATCCTTTTATTTTTAATTTGTACTATT
pHLE2.11a
5’ end                          TATAATAAATATAGAGACCTTGCGCTTTAAGATATACCTGAGCCATATGTAGAGAAGCTGAACCCCTTCTTATACCC
hs_chr12 +                       TATAATAAATATAGAGACCTTGCGCTTTAAGATATACCTGAGCCATATGTAGAGAAGCTGAACCCCTTCTTATACCC
3’ end                          AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATAAGCGTAAAGCTGAAGGCTTTGCGCTTAGGACAGCTCTGAAATT

pHLE3.5a
5’ end                          TTTGAGCTTATTTTAGTTACCCTTTTATCTTTTGAAAAGACATTAT
hs_chr5 +                          TTTGAGCTTATTTTAGTTACCCTTTTATCTTTTGAAAAGACATTAT
3’ end                          AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTTATGACATGATATATCTAATTCATTGCACAATCTCTTACCTCT

pHLE3.9a
5’ end                          CGTGTTTTCCTTTAAATTAGTCAATCTATAACCGGCAAAGAAAAATCTTAAAGAATTATCTACAGATGAAAGCTTGTGGACTTTAATGAAAGTCTAGTTCCGGCTG
hs_chr7 -                          CGTGTTTTCCTTTAAATTAGTCAATCTATAACCGGCAAAGAAAAATCTTAAAGAATTATCTACAGATGAAAGCTTGTGGACTTTAATGAAAGTCTAGTTCCGGCTG
3’ end                          AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATCTTAAAGAATTATCTACAGATGAAAGCTTGTGGACTTTAATGAAAGTCTAGTTCCGGCTG

pHLE4.4a
5’ end                          CCTGGCACTTAGAAGGGAAGAATCTTTGCAACACAAATGACGATTAAAGAATAACAGTGAAAAGTCAGCAGACATTCCACAAGAGGGAAGTCATCTTCA
hs_chr15 +                          CCTGGCACTTAGAAGGGAAGAATCTTTGCAACACAAATGACGATTAAAGAATAACAGTGAAAAGTCAGCAGACATTCCACAAGAGGGAAGTCATCTTCA
3’ end                          AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATAACAGTAAAAGTCAGCAGACATTCCACAAGAGGGAAGTCATCTTCA
pHLE5. 8a
5’ end TCTAATGGAGAGAATGGAGATGGTATTTAATAGGATGGTACATTTACATAGAGGAAACTGAGCTGACATGATGAGAAGAAGCTG
hs_chr6 – TCTAATGGAGAGAATGGAGATGGTATTTAATAGGATGGTACATTTACATAGAGGAAACTGAGCTGACATGATGAGAAGAAGCTG
3’ end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE5. 9a
5’ end ACCCTTTCCATTCAATCTTAATCTGAACTCTGTGATAACAAATG
hs_chr7 – ACCCTTTCCATTCAATCTTAATCTGAACTCTGTGATAACAAATG
3’ end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE5. 10a
5’ end GGTGAATTCTCAAGATGGCATATTTCAATATACTAAATAATTGAAGGAAATATTTAATAATTAAATACAAAAGCTATAT
hs_chr1 – GGTGAATTCTCAAGATGGCATATTTCAATATACTAAATAATTGAAGGAAATATTTAATAATTAAATACAAAAGCTATAT
3’ end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE5. 14a
5’ end GCCAGTGTCCAGGAACACAGAGACAACTGCTGTTTTAAACATTTTGAGACACAACCTTTCCAGATATCATTCACAAATACCACTATTCATAAAAAT
hs_chr13 – GCCAGTGTCCAGGAACACAGAGACAACTGCTGTTTTAAACATTTTGAGACACAACCTTTCCAGATATCATTCACAAACCTTTCCAGATATCATTCACAAATACCACTATTCATAAAAAT
3’ end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE5. 15a
5’ end
ATACACGTCTCTCAGACAGCACAAATCTAGAATATGCTATCAAAAGATTCGGGGAGGGGGAGGATAGCATTGGGAGATATACCTAATGCTAGAT
hs_chr6 -
ATACACGTCTCTCAGACAGCACAAATCTAGAATATGCTATCAAAAGATTCGGGGAGGGGGAGGATAGCATTGGGAGATATACCTAATGCTAGAT
3’ end
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               
pHLE6. 7a
5' end  CAGAATGATATGACTTGAAATATAACTTTATATGACATACCTGTTAAAGAAGAAAAATGCAAATCAAACACTATGAGATATCATCTTCGACCA

hs_chr18 +
CAGAATGATATGACTTGAAATATAACTTTATATGACATACCTGTTAAAGAAGAAAAATGCAAATCAAACACTATGAGATATCATCTTCGACCA

3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACATCCACAGCAAAAAGTAATGTTAAAATTATCAC

pHLE6. 11a
5' end  TCCTGAATTACCACTGGGTCAAGGAAGCAATTAAGAAGAAATTAAAACCTTCTTGGAACAAATAATAATGAAAACACAACATACCAAAACC

hs_chr7 +
TCCTGAATTACCACTGGGTCAAGGAAGCAATTAAGAAGAAATTAAAACCTTCTTGGAACAAATAATAATGAAAACACAACATACCAAAACC

3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACATCCACAGCAAAAAGTAATGTTAAAATTATCAC

pHLE6. 18a
5' end  TACCAAATATTTGAAATTATGATCCCTTATGGCAAACACTTAAATTAGATATACCTAAATGCTAGATGACACATTAGTGGTGACAGG

hs_chr5 -
TACCAAATATTTGAAATTATGATCCCTTATGGCAAACACTTAAATTAGATATACCTAAATGCTAGATGACACATTAGTGGTGACAGG

3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACATCCACAGCAAAAAGTAATGTTAAAATTATCAC

pHLE7. 3a
5' end  CAAAGTTCAATGGTTTCTATCCAGAATACAGTAAAGAAATTTGTGGTAGAAAAAGCTGAAACTGGACCCCTTCCTT

hs_chr9 -
CAAGTTCAATGGTTTCTATCCAGAATACAGTAAAGAAATTTGTGGTAGAAAAAGCTGAAACTGGACCCCTTCCTT

3' end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACATCCACAGCAAAAAGTAATGTTAAAATTATCAC
pHLE7. 10a
5’ end  ACAATTCCCCGACTTTCTTGTGGTTTTTTAAAAATTTAGTTTTTAAAATTAGCATATTTCTCACTCTGATAGGTGGGAAATTTGGTTTTTAAAAATCTAACATTTCTCCA
hs_chrX  ACAATTCCCCGACTTTCTTGTGGTTTTTTAAAAATTTAGTTTTTAAAATTAGCATATTTCTCACTCTGATAGGTGGGAAATTTGGTTTTTAAAAATCTAACATTTCTCCA
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA AAAATCAATGCATACCTGAGTTTTTAAAAATCTAACATTTCTCACA

pHLE7. 28a
5’ end  TGCTCTGATGGAGCTGGGCAAAGTGAATTGAAAATCTTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTT
hs_chr6  TGCTCTGATGGAGCTGGGCAAAGTGAATTGAAAATCTTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTT
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAATCAAATGCATATTTGATCGATCCAATAAAATGTT

pHLE7. 30a
5’ end  AGCATGGCCCCTGCGCAAGGATGACACGCAAATTCGTGAAGCGTTCCATATTTTTGACACGTATGTTTATTTGGGGCACTATCACAATAGCAGGT
HLE7. 30aL1. 3Ct–R1  CATAATAAAACTAAAACATCCATAATCGTCAATTGCTTCTGGTTTCTAAAAATTA
hs_chr6  CATAATAAAACTAAAACATCCATAATCGTCAATTGCTTCTGGTTTCTAAAAATTA
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAATCAAATGCATATTTGATCGATCCAATAAAATGTT

pHLE8. 2c
5’ end  TAGAGGGACGATAAGGATGAGGTTAAAAGAAACATCCATAATCGTGAATTGCTTCTGGTTTCTAAAAATTA
hs_chr2  +  TAGAGGGACGATAAGGATGAGGTTAAAAGAAACATCCATAATCGTGAATTGCTTCTGGTTTCTAAAAATTA
3’ end  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAATCAAATGCATATTTGATCGATCCAATAAAATGTT
pHLE8. 3a
5' end AGATCAGAGCTGCTGCTGACTGCTAGTCAAAATGTGACATGATCAA
hs_chr13 - AGATCAGAGCTGCTGCTGACTGCTAGTCAAAATGTGACATGATGACT
3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAT AACCTTTGTTGATGTCAGATGTCAAAAGCCATTGAGTTTTTT

pHLE8. 15a
5' end AAGGAATAATTGGATAATGGTATTGTGGTCATACTTTTTAAGT
hs_chr5 - AAGGAATAATTGGATAATGGTATTGTGGTCATACTTTTTAAAG
3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATA TCTGTTAGAAAGATATAGGATGCAGAACATCTAGGATTTGCTGAAAG

pHLE8. 18a
5' end GAAAACCCCAACAAGGCCATTATAGTTAAATCTGAAACC
hs_chr4 + GAAAACCCCAACAAGGCCATTATAGTTAAATCTGAAACC
3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGACATGTGATAGCATGTCAGGAGAAAAATACATAGTGAAGAG

pHLE8. 22a
5' end GGTACTGATTTTAAAAAGTGTGACTCTCCATCTACTTTGTCATGTG
hs_chr7 - GGTACTGATTTTAAAAAGTGTGACTCTCCATCTACTTTGTCATGTG
3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAT TTGTTTCTAATCTCTGTGGAATCTTTGT
pHLE8. 24b
5' end
hs_chr11 −
TTGTAGGCAAGTTGCAAAGTGCAATTAACAGATTAATGAACAGAC
G
CACATATACACCATGGGAATACTATGCAGCCATAAAAAATGATGAG

3' end
TTGTAGGGAAGGATGTGATACTTTTATTTAACTGGTCTTAATCACCCTCCATT

pHLE8. 30a
hs_chr1 +
AAAGGATTATTAATTCATGCTACTATAGAGACACATGCACACAAATTTTATTGTGGAATTTTATTACACTATGCAATTAAGAACAGCTTTGGAACCA

5' end
TAGGAGTTGCCACACTCTTTTTTTTTTTTTTGAAATGAAATCTCTCTCTTGTCCCCCAGTCTGGAGTGCAATGGGGCAATCTCTGC

hs_chr12 −
TAGGAGTTGCCACACTCTTTTTTTTTTTTTTTTGAAATGAAATCTCTCTCTTGTCCCCCAGTCTGGAGTGCAATGGGGCAATCTCTGC

3' end
GAAATGAAATCTCTCTCTTGTCCCCCAGTCTGGAGTGCAATGGGGCAATCTCTGC
ZfL2-1 / DT40 WT cells

pWC1.1a
5' end
AGAGACAGAGATGGGACGACTGCCTCTACTCAAAAGGAAACAAGTGGCATCATCTTTTATGATTTC
gg_chr4 +
AGAGACAGAGATGGGACGACTGCCTCTACTCAAAAGGAAACAAGAAAAAACATAAACCAAAATCCA
3' end
CGAATTGGAATTTGAATTTGAATTGAAAGAAAACAAAAACATAAACCAAAATCCA

pWC1.2a
5' end
ACTCAATTTTAAAAAGGAAGTATAGTAGAGAGACAGATTGACCTGGGGATACTCATCCTGCTTCTACCTAGGAGTCACT
gg_chr 3 -
ACTCAATTTTAAAAAGGAAGTATAGTAGAGAGACAGATTGAAAGCTTCAGAGAATGAAATACTCCTTTTATCTACTACAGGGGGAG
3' end
GCTATACAAATAAGCTGGAATTTGAATTGGAATTTGAAAGCTTCAGAGAATGAAATACTCCTTTTATCTACTACAGGGGGAG

pWC4.1a
5' end
AGCCAGGCACCTATGCCACCCAGACGACAAGGCTCCAGCTTACACGTGTGCCCACCTAGAGGCGCTCCAAGACCGCAGCTG
gg_chr19 -
AGCCAGGCACCTATGCCACCCAGACGACAAGGCTCCAGCTTACCTAGGCTTCTTCTGACCCCTAGAGGCGCTCCAAGACCGCAGCTG
3' end
AAGCGCTATACAAATAAGCTGGAATTTGAATTGGAATTTGAAAGCTTCAGAGAATGAAATACTCCTTTTATCTACTACAGGGGGAG

pWC7.2a
5' end
CAGAACAAAAATACTATCCACAACCGACGACCAAGGATCTACACAACTAACTGGAATCTTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTTCCGGTC
gg_chr8 -
CAGAACAAAAATACTATCCACAACCGACGACCAAGGATCTACACAACTAACTGGAATCTTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTTCCGGTC
3' end
TTGTAAGGGCTATACAAATAAGCTGGAATTTGAATTGGAATTTGAAAGCTTCAGAGAATGAAATACTCCTTTTATCTACTACAGGGGGAG
**pWC9.1a**

5' end
GGGGGGGACCTTATTTGGATCCTTTTTTTATGTTTTAC

gg_chr1 -
GGGGGGGACCTTATTTGGATCCTTTTTTTATGTTTTAC

3' end
AAAAGGCTATACAAATAAAAGCTGAATTGAATTGAATTGATATTCTATTGCGAAATGAAATCTATTTCTTTTT

**pWC9.2a**

5' end
TATGAATATTTTATCTCCAGATTTTCTGTATCAAGTAAAGGAGGTCGAGCCTT

gg_chr1 -
TATGAATATTTTATCTCCAGATTTTCTGTATCAAGTAAAGGAGGTCGAGCCTT

3' end
AGCTGAATTGAAAAATTGAATTGAATTGATATTCTATTGCGAAATGAAATCTATTTCTTTTT

**pWC10.1a**

5' end
CCATTGCTTTCAACATGGTTTTTAACAACCTGTTGTATCGTTCAATTTTA

UCSC_gg_chr2 +
CCATTGCTTTCAACATGGTTTTTAACAACCTGTTGTATCGTTCAATTTTAACACACTACCTTGCAACACTCACTGACTAGAGTAAAAATATCA

UCSC_gg_chr2 +
CCATTGCTTTCAACATGGTTTTTAACAACCTGTTGTATCGTTCAATTTTAACACACTACCTTGCAACACTCACTGACTAGAGTAAAAATATCA

3' end
GTAAAAAGGCTATACAAATAAAAGCTGAATTGAATTGAATTGATATTCTATTGCGAAATGAAATCTATTTCTTTTT

**pWC10.2a**

5' end
GTTGACACTGGTTGTCCCTGAATCAGAGAACATCAGCTGAGTTTGG

gg_chr4 -
GTTGACACTGGTTGTCCCTGAATCAGAGAACATCAGCTGAGTTTGG

3' end
ATCTACATTGAAAAAGGCTATACAAATAAAAGCTGAATTGAATTGAATTGATATTCTATTGCGAAATGAAATCTATTTCTTTTT
pWC10.4a
5’ end
ATGTACAGGGGACAGCAGCCATATCGACCTATTTGAGCTCTTCTGCTCTGCTCTGACCGCTGACCC

3’ end
GAAAACCAATCTGATCTTTTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTTCCGTCCTGACGGCCTGCACCCC

pWC10.6a
5’ end
TTACTTACCAGTAAAGCTGTCATTG

3’ end
CATTGTAAAAGCAGCTATACAAATAAAGCTGAATTTGAATTGAA

pWC11.2a
5’ end
CAAAAGTAAGTGGGAAATGAGTTTCTGGCTTGTACTGTTTAATAT

3’ end
AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTTGAATTGAA

pWC11.6a
5’ end
AGCCACTGAGTGGCTGAGATGGTGCAGAGGGTGCAAGAAGGCGAGC

3’ end
AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTTGAATTGAA

gg_chr4

gg_chr1

gg_chr3

gg_chr17
pWC12.1a
5' end
GAGCAGCTGAAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGC
gg_chr17-
GAGCAGCTGAAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGC
3' end
CAAGG
TGCTTCCCAGATCCCGGGGCAGAACGTCTCCGCCTGTG
GAGCAGCTGAAACCCATCCCAGACCGCCTGTG

pWC12.4a
5' end
TCCCACAGTGCAAAAAATTTCCAAAGTTTAAATTCTGAT
gg_chr4 +
TCCCACAGTGCAAAAAATTTCCAAAGTTTAAATTCTGAT
3' end
GAGCAGCTGAAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGC

pWC12.5a
5' end
ATGTAGTTTTGGATTGTGGCCTGATGAAGCAAAGTAAATAAGAGTTATTG
gg_chr3 +
ATGTAGTTTTGGATTGTGGCCTGATGAAGCAAAGTAAATAAGAGTTATTG
3' end
GAGCAGCTGAAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGC

pWC13.1a
5' end
TTTGCTTTGTGTTTGAAATTGATGTCTTCTCCACAGCTGCCTGTAGTG
gg_chr4 +
TTTGCTTTGTGTTTGAAATTGATGTCTTCTCCACAGCTGCCTGTAGTG
3' end
GAGCAGCTGAAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGC
pWC13. 2a
5' end  
AATCTACCTTGACTAGCAGCAGTGCCATCCTCTCTGCTTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTTCCGTCCTGACGGCCTGCA

gg chr3 +  
AATCTACCTTGACTAGCAGCAGTGCCATCCTCTCTGCTAGGAGTGAACTCAGTGCCATGCTGGGGCTTCAGGAAAGCAGA

3' end  
GGCTATACAAATAAAGCCTGAATTGAAATTGAATTGAATTGA

pWC13. 4a
5' end  
AGGTTTTTTTCTTCCACCACCTCCTTTTTTACTGGGTTGTCCTGACTTTAAGCTATTATTATAGAAACCGGAACCTGACACAAACAA

gg chr14 +  
AGGTTTTTTTCTTCCACCACCTCCTTTTTTACTGGGTTGTCCTGACTTTAAGCTATTATTATAGAAACCGGAACCTGACACAAACAA

3' end  
AAAGCCTATACAAATAAAGCCTGAATTGAAATTGAATTGA

pWC13. 5a
5' end  
GGCACAGCACCCGAAGGGAATCACTACTTCTACCTGAGAAGGTCCTTTGGTTTAGTAAAGCATCTGTC

gg chr4 +  
GGCACAGCACCCGAAGGGAATCACTACTTCTACCTGAGAAGGTCCTTTGGTTTAGTAAAGCATCTGTC

3' end  
TACATTTGAAGCCTATACAAATAAAGCCTGAATTGAAATTGAATTGA

pWC13. 6a
5' end  
GAGAAGGGCAAGGTTTCTTGAAGTCTGCAAGGCTTCAAGCTTTGTTTAGAAAGCATCTGTC

gg chr2 -  
ATGCTCTAAAGGCTTTGTTTAGTAAAGCATCTGTC

3' end  
CTATACAAATAAAGCCTGAATTGAAATTGAATTGA
pWC22. 1a

5' end

AGCTTGCCATGTAATTAAGGCTACCCAGATTAGAGGGATTCTGCTG

3' end

TCTACATTGTAAGCCTATAGAAATAAGCTGAATTGATCGCTAAGCGCAATGCTT

gg_chr 24

AGCTTGCCATGTAATTAAGGCTACCCAGATTAGAGGGATTCTGCTG

3' end

TCTACATTGTAAGCCTATAGAAATAAGCTGAATTGATCGCTAAGCGCAATGCTT
ZfL2-1 / DT40Ku70−/− cells

p7C2.1a
5’ end
AAATTATTTGCTTCTTATTTTACTGAATGCAGCTTTGGGCAGTACAAAG

gg_chr14
1098029
AAATTATTTGCTTCTTATTTTACTGAATGCAGCTTTGGGCAGTACAAAG

3’ end
AAATCTCACTGTAAGGCTATACAAATTTGAAATTTGAAATTTGAAATTTGAA

p7C3.1a
5’ end
GTAACATCTTTTACCTGCTCAAACTGCACTCATTGAAATTTTCTGAGATCCCTCTCAGAAGAAGTGCAAGGGAAAGCAGAAGACTGCCTTTAGTCTGCAGAGAAAAACA

gg_chrZ
13282674
GTAACATCTTTTACCTGCTCAAACTGCACTCATTGAAATTTTCTGAGATCCCTCTCAGAAGAAGTGCAAGGGAAAGCAGAAGACTGCCTTTAGTCTGCAGAGAAAAACA

3’ end
CTACATGTAAGGCTATACAAATTTGAAATTTGAAATTTGAAATTTGAA

p7C7.2a
5’ end
CTACAGTCACAGAGCACTGGGCAATCATTGGCTGCTGGATCTGGCAGAATGGCAAGTTCTACTCTTACATTTATCTAGCTTTTACTACAGCATAGTCAGGTCTAGATT

gg_chrZ
GTAACATCTTTTACCTGCTCAAACTGCACTCATTGAAATTTTCTGAGATCCCTCTCAGAAGAAGTGCAAGGGAAAGCAGAAGACTGCCTTTAGTCTGCAGAGAAAAACA

3’ end
CTACATGTAAGGCTATACAAATTTGAAATTTGAAATTTGAAATTTGAA

p7C24.1a
5’ end
AAGCTTAAGCTATAGGAGATGCGTTAGAAATCACAAAAAGTGAAAGACGTGTTCAG

gg_chr1
GTAACATCTTTTACCTGCTCAAACTGCACTCATTGAAATTTTCTGAGATCCCTCTCAGAAGAAGTGCAAGGGAAAGCAGAAGACTGCCTTTAGTCTGCAGAGAAAAACA

3’ end
CTACATGTAAGGCTATACAAATTTGAAATTTGAAATTTGAAATTTGAA
p7CS2. 1a
5’ end
CCAAAAAACACGCTAGTTTCTAACCATAATGAGAAATTCACCAAGGACCAAATGTTTGTGTAGTCTATACATACTCAGAAT
47856746
3’ end
GGGCAATGATCTTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTC

p7CS5. 1a
5’ end
TACAGCATAAAAGACTAAACACTATACAAATAAAAGACATTAAGAACTCTTTAAACATTAAGAT
3’ end
TTGAATTGATTGAATTGAA

p7CS6. 1a
5’ end
CGCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGATACCCT
3’ end
CGCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGATACCCT

p7CS6. 1a
5’ end
CCCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGATACCCT
3’ end
CCCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGATACCCT

p7CS6. 1a
5’ end
CGCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGATACCCT
3’ end
CGCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGATACCCT
p7C63. 1a
5’ end
CTTGAGCACTCTGTTACTCATACTCTTTACATCAGT
AGATCTGCAACTCAAATTAGAGGATACAAAGTTAGCTTT
 ************************************

gg_chr12 –
CTTGAGCACTCTGTTACTCATACTCTTTACATCGAAG
CAAAAGGCAGTGACACAAGAAAATCGGTGTATATGCTCCTGTTATCTG
4045457
4041036

gg_chr12 –
ATTCATTTGCTCAAAACTAACTAGGATTTTTCAGAAAC
ACATCTGAATCTCAACGTCAAATGTTGCAAATAGAGATTAACTACCTAT

3’ end
AAA6CGCTATACAAATAAGCTGAAATTGAATTGAATTGAA
CACTCTGAATCTCAACGTCAAATGTTGAAATAGAGATTAACTACCTAT
**ZfL2-1 / HeLa-RC cells**

Ra102

5’ end

TGTGTCAGGAAGAACTGACTCTTATATTATTAGAAAGCTGGGTACTAGCGGCCGCCACCATGGACTACAAAGACCATGAC

hs_chr13 +

TGTGTCAGGAAGAACTGACTCTTATATTATTAGACCTTCTTTATGTCTGATAACATTCCTTGTTGAATTACTCTGTC

3’ end

AAAAGCTATACAAATTAAAGCTGAATTGGAATTGAATCTTACATT

Ra103

5’ end

TTGACATGTCTCTAAAGCACTGAGATTGAACTCTTTTTTTCACTAGGCTGTCAGGACAGGCACGGCTACACATAATGCTCA

hs_chr11 –

TTGACATGTCTCTAAAGCACTGAGATTGAACTCTTTTTTTCACTATTTGTTGACACATAAATTGCTTTAGAGAAGTG

3’ end

ATAAAGCTGAATTGGAATTGGAATTGGAATTGAATCAGTGAATTGGAATTGGAATTGGAATTGGAATTGGAATTGGAATTG

Ra105

5’ end

AGCCCAAGCTACACATGGCATAAAAAGGACAGAGTAGGTGAGTGAAGAGTAGATAATCTAGCTCTCTTATCTATAACACCTCTCTGTC

hs_chr9 –

AGCCCAAGCTACACATGGCATAAAAAGGACAGAGTAGGTGAGTGAAGAGTAGATAATCTAGCTCTCTTATCTATAACACCTCTGTC

3’ end

AATCTACATTGATAAAGAGCTGATACAAATTAAAGCTGGAATTGGAATCTTACATTGAAATTGGAATTGGAATTGGAATTG

Ra112

5’ end

CAAGAGATTGTAATGGCATACCTGGAGAGTGGGCACGCGCTTAATTCTGGCTCTTGTGAATACC

hs_chr13 –

CAAGAGATTGTAATGGCATACCTGGAGAGTGGGCACGCGCTTAATTCTGGCTCTTGTGAATACC

3’ end

ACATTGAAAGAGCTATACAAATTAAAGCTGGAATTGGAATCTTACATTGAAATTGGAATTGGAATTGGAATTGGAATTGGAATTG
Ra125
5' end
CTCAGGCCTCTCAAGGGCTGAATTT-GACTACTTCGCACCATCTGACTAGCAGGTAAAAATTC
hs_chr1 +
GGTGTGATGATCTGGGAAGCTCAGGCCGCCCTCAGGGCTGATTT
T
GATCTTTGCTATTGGACTCTGTGACACTGTCAGTCTG
3' end
GCTATACAAATAAAGCTGAAATTGAAATTGAAATTGAAATT
hs_chr1 -
GGTGATGATCTGGGAAGCTCAGGCCGCCCTCAGGGCTGATTT
GATCTTTGCTATTGGACTCTGTGACACTGTCAGTCTG
3' end
hs_chr1 +
GGTGATGATGATCTGGGAAGCTCAGGCCGCCCTCAGGGCTGATTT
T
GATCTTTGCTATTGGACTCTGTGACACTGTCAGTCTG
3' end
hs_chr1 -
GGTGATGATGATCTGGGAAGCTCAGGCCGCCCTCAGGGCTGATTT
GATCTTTGCTATTGGACTCTGTGACACTGTCAGTCTG
3' end

Ra126
5' end
hs_chr12 -
GGTGTGTAGTAGGCTATAATATCTAGGTTTATGTATGTACACGCTAAGATGTTTGC
AC
A
TCTTTATTCTCTATTTTCACCTGGGGATACTCATCCCGGAG
3' end
hs_chr12 +
GGTGTGTAGTAGGCTATAATATCTAGGTTTATGTATGTACACGCTAAGATGTTTGC
AC
A
ATGACAAAATTATCTAACAATGCATTTCTCATAATGCATT
3' end
hs_chr12 -
GGTGTGTAGTAGGCTATAATATCTAGGTTTATGTATGTACACGCTAAGATGTTTGC
AC
A
ATGACAAAATTATCTAACAATGCATTTCTCATAATGCATT
3' end
hs_chr12 +
GGTGTGTAGTAGGCTATAATATCTAGGTTTATGTATGTACACGCTAAGATGTTTGC
AC
A
ATGACAAAATTATCTAACAATGCATTTCTCATAATGCATT
3' end

Ra201
5' end
hs_chr8 +
TTGAAAAAGGTGGGACATAATGAACATCGATGAGTATGATACCTATCA
T
A
GGCTCTTCCGTCCTGACGGCCTGCACCCCAGTCGAGCCGGAGCTGAAC
3' end
hs_chr8 -
TTGAAAAAGGTGGGACATAATGAACATCGATGAGTATGATACCTATCA
T
A
ATTAC
A
CATGCATCCTGTCTTTCTGTGCTAGTATTGTTGAAGATAGCT
3' end
hs_chr8 +
TTGAAAAAGGTGGGACATAATGAACATCGATGAGTATGATACCTATCA
T
A
GGCTCTTCCGTCCTGACGGCCTGCACCCCAGTCGAGCCGGAGCTGAAC
3' end
hs_chr8 -
TTGAAAAAGGTGGGACATAATGAACATCGATGAGTATGATACCTATCA
T
A
ATTAC
A
CATGCATCCTGTCTTTCTGTGCTAGTATTGTTGAAGATAGCT
3' end

Ra203
5' end
hs_chr1 -
TTGAGTTCCCTTGATCGAATAGTGCATATTGGTACATAGTTATTAGGAGATGAGCTGAATAAATCTGAATCCTTGGACTCTGACCCAGTCCAGTTATCCTG
AC
A
TTCTGGCTACGCAACTCTCAATCATGCATCAGTACGCTGAGT
3' end
hs_chr1 +
TTGAGTTCCCTTGATCGAATAGTGCATATTGGTACATAGTTATTAGGAGATGAGCTGAATAAATCTGAATCCTTGGACTCTGACCCAGTCCAGTTATCCTG
AC
A
TTCTGGCTACGCAACTCTCAATCATGCATCAGTACGCTGAGT
3' end
hs_chr1 -
TTGAGTTCCCTTGATCGAATAGTGCATATTGGTACATAGTTATTAGGAGATGAGCTGAATAAATCTGAATCCTTGGACTCTGACCCAGTCCAGTTATCCTG
AC
A
TTCTGGCTACGCAACTCTCAATCATGCATCAGTACGCTGAGT
3' end
hs_chr1 +
TTGAGTTCCCTTGATCGAATAGTGCATATTGGTACATAGTTATTAGGAGATGAGCTGAATAAATCTGAATCCTTGGACTCTGACCCAGTCCAGTTATCCTG
AC
A
TTCTGGCTACGCAACTCTCAATCATGCATCAGTACGCTGAGT
3' end
Ra205
5’ end AGAGGCGCAGAAGAACGCGAGCTAGGCTAGGCGAAGCGCTTCTTTCTCTGAGAAATTACGAAATATGCTA
hs_chr12 + AGAGGCGCAGAAGAACGCGAGCTAGGCTAGGCGAAGCGCTTCTTTCTCTGAGAAATATCGCTAAATTACGAAATATGCTA
3’ end AAGGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTTGAAAAGAAGGCCAGGAGGGGAGGCAGGCCGGATGTGTTCGCGCCGCGGCTGCGG

Ra207
5’ end TTAACCTCAGTTTGTGGATATCGCAGATAACTTGCTGAGAAGTCTCTTCCTCTGTGACTATCTGCTAAGTGATCGAGTTACACCGCTTCTTGA
hs_chr2 + TTAACCTCAGTTTGTGGATATCGCAGATAACTTGCTGAGAAGTCTCTTCCTCTGTGACTATCTGCTAAGTGATCGAGTTACACCGCTTCTTGA
3’ end GTAAAAGGCTATACAAATAAAGCTGAAATTGAATTGAATAAAAAAGTCTCTCTCTGTGACTATCTGCTAAGTGATCGAGTTACACCGCTTCTTGA

Ra227
5’ end CATGTACAACAATACCTTCGACTACAGAAGAAACGAAATTACGATCTGATGACTGATCTACAAAGGACCACCCGCTGCGTTTTA
hs_chr18 - CATGTACAACAATACCTTCGACTACAGAAGAAACGAAATTACGATCTGATGACTGATCTACAAAGGACCACCCGCTGCGTTTTA
3’ end AAAAGGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTTGAAAAGAAGGCCAGGAGGGGAGGCAGGCCGGATGTGTTCGCGCCGCGGCTGCGG

Ra230
5’ end GGTATAGAGACGTTCAAAACCTACGTTAAGAGCTCCTACCTGTGTTTTAAGACTACATACCTCAG
hs_chr7 + GGTATAGAGACGTTCAAAACCTACGTTAAGAGCTCCTACCTGTGTTTTAAGACTACATACCTCAG
3’ end CACAAACTACATTGTAAAAGGCTATACAAATAAAGCTGAAATTGAATTGAATTTGAAAAGAAGGCCAGGAGGGGAGGCAGGCCGGATGTGTTCGCGCCGCGGCTGCGG
Ra232
5' end: CAGTASCATGCTCGACTGCAACTCGTG5CTCATGCTTTTATGACTCTGAACTGATTGATTGATGCTCATTTTT
hs_chr15 +
**-----------------------------------------------**
3' end: AAAGGCTATACAAATAGCCTGAATTGGAAAATATGAACTGATTGATGCTCATTTT

Ra501
5' end: GGTGCATGCGCCACGCAAGCCAGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGAATTTTTTTATACCTCAAAATAGCAAATATCCGCTATCCTGGAACGCTATACAAATAAAGC
ucsc_chr8 +
**-----------------------------------------------**
3' end: AAAGGCTATACAAATAGCCTGAATTGGAAAATATGAACTGATTGATGCTCATTTT

Ra506
5' end: GCAATCTACTCTCTTGACAAGAGCATATATCACAGAACTCTAGCTCAATCGCATCGAGATCCGAGGAGCCTGA
ucsc_hs_chr6 +
**-----------------------------------------------**
3' end: ATTTAAAAAGGCTATACAAATAGCCTGAATTGGAAAATATGAACTGATTGATGCTCATTTT

Ra507
5' end: GGGAAAGCCTTTCATTCAAGTTTCTCTCTTTGACTTCCCATTCTTTTCCTGGAGATCTCAT
hs_chr5 -
**-----------------------------------------------**
3' end: GCTATACAAATAGCCTGAATTGGAAAATATGAACTGATTGATGCTCATTTT
**Nimb2 / DT40 WT cells**

**pWG2.3a**

5’ end
TAAAGAAATGGTCCTCCTGTTTCTATAAACAGTCATGTGCAG

`gg_chr1 -`
TAAAGAAATGGTCCTCCTGTTTCTATAAACAGTCATGTGCAG

3’ end
AGTTCGGCAGGGCC

**pWG2.4a**

5’ end
GACCACCACCTGCAACACATCCGGCTTACAAGAACGGAGTCACGGGTT

`gg_chr1 +`
GACCACCACCTGCAACACATCCGGCTTACAAGAACGGAGTCACGGGTT

3’ end
TAAGTCTGGTTGCAACCGCCAGTAAACCCAAAGAAGAGAAAGAAGAAGA

**pWG3.1a**

5’ end
TGGCAAGTTCAGTGAGACTTTGTGGAGAGG

`UCSC_gg_chr12 +`
TGGCAAGTTCAGTGAGACTTTGTGGAGAGG

3’ end
ACCGCCAGTAAACCCAAAGAAGAGAAAGAAGAAGA

**pWG3.2a**

5’ end
AAGTTTGCATATGTGCTCTAAGAAGGGGTGAAGTTTCTGCACTGTGAGG6GATCATAGCTCAGCGT

`gg_chr5 +`
AAGTTTGCATATGTGCTCTAAGAAGGGGTGAAGTTTCTGCACTGTGAGG6GATCATAGCTCAGCGT

3’ end
GTCTGATTGCAACCGCCAGTAAACCCAAAGAAGAGAAAGAAGAAGAAGA

pWG10.1
5’ end
GGATGATCCCGCGGGTCTTTTCCAACCTTAGCGATTCTATGATTCTATGATAAGCCATTGAATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAGGC
3’ end
ACCTATAAGTCTGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAAGAAGACATGAGCTAGATGATCTTGTTGCTTCTCGCGGCGGCGTGTTTGTGTAGAGCGGCGCAA
pWG10.3
5’ end
AATAGGAGCGCGGGAGGGTATTTAAAAGCAACCGCGCGGCGCGAGGCAGCAGTTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAGGC
3’ end
GGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAAGAAGACATGAGCTAGATGATCTTGTTGCTTCTCGCGGCGGCGTGTTTGTGTAGAGCGGCGCAA
pWG11.2
5’ end
TGCTAAATGGCCAAAGAGGTAAAACACGTTGCGTTTGCTATAGATGAAGTCAATCAGTA
3’ end
GCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAAGAAGACATGAGCTAGATGATCTTGTTGCTTCTCGCGGCGGCGTGTTTGTGTAGAGCGGCGCAA
pWG12.2
5’ end
CTATTATTGCTAGCCTTTATGTTATTTCAGTCACGATGAGAAAAGCACTGA
3’ end
GCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAAGAAGACATGAGCTAGATGATCTTGTTGCTTCTCGCGGCGGCGTGTTTGTGTAGAGCGGCGCAA
pWG15.1a

5’ end  CTGAAGGGTGGGCAGGGAGGGATGGATATGAAAGCTGAGGGTTTTTTTGTTGGCAGACAAAAGAGCAATCTTCAGCATTTTACATTGGCAGGTTTATTAGGAAACAAATCTA

gg_chr15 +

**********************************************************
***

3’ end  TGCACCTATAAGTCTGGTTGCAACCACCAGTAAACCCAAGGAAGAAGAAGAAAAAAATAGGTATTGTTACAAATAACCGGAAGCTTCAAGTATTTACAGTGTTTTAT

pWG16.1a

5’ end  ACCTGCACTGCTCAAGTTTCTGAGAGGTGCTGAGGTGTTTTTTATCTCAGAAATAGTTTGSAGATACACGGTAAAACATTGTACACGATTTATAT

gg_chr8 +

**********************************
*****************

3’ end  TATAAGTCTGTTGCCAACCAGGCTGATAAAACCCAAGGAAGAAGAAGAAGAAAAATAGTGTTTTATTACAAATAACCGGAAGCTTCAAGTATTTACAGTGTTTTAT
L1.3 inversion/ HeLa–RC cells

pHLE2. 1a
5’ end  
GCA TTA TCT GGT ACT ATTT GGT TT TT G TTA GGA AAG 
-----------------------------------------------
hs_chr5 –  
GCA TTA TCT GGT ACT ATTT GGT TT TT G TTA GGA AAG 
sAGAC CTG TCA TT CTT CT G TGT CTT CAT G TCT G
3’ end  
GAA GTC AAG ACT GA AAG TAC TAA A GGT TCT CAT A 
TT G TCT CAT TCT GTC GTC GTC GTC GTC GTC G

pHLE3. 8a
5’ end  
CA ACA TAA GCACAA ATGCA GCG CGA AG TAC ATG TTA AAT A 
-----------------------------------------------
hs_chr9 –  
CA ACA TAA GCACAA ATGCA GCG CGA AG TAC ATG TTA AAT A 
CAGG AACG TGA GGT TCT CTT CTT TA ACT AAT AT TTT CAT TTA A C
3’ end  
A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A 

pHLE3. 11a
5’ end  
TAA GCA ACA ATG TGA AT TCC GAA AAA A ATG ATG C A G A G A A G C A T 
-----------------------------------------------
hs_chr7 +  
TAA GCA ACA ATG TGA AT TCC GAA AAA A ATG ATG C A G A G A A G C A T 
GA CAA G A A G A A G C T A G C T A G C T A G C T A G C T 
3’ end  
A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A 

pHLE4. 2a
5’ end  
CAGA TTT TGG GAG A C T CAAA A AT CAG CAT A AT T GT A GGA GAT 
-----------------------------------------------
hs_chr8 +  
CAGA TTT TGG GAG A C T CAAA A AT CAG CAT A AT T GT A GGA GAT 
-----------------------------------------------
3’ end  
A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A A
pHLE4. 5a
5´ end      CTTTGAGATTCAGTGACAATAGAGTCCAATTAAAACACTTGGAAACAAAAACACCGCTACACGCGGTGTTTTGCGGATCAA
hs_chr5 -  *******************************************************
3´ end    AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE2. 6a
5´ end      GCCACTACGGAAAAACAGTGAGATTCCTTAAGAGACTAAAGTAAGAGAATGTATCATTCTGTATTCTAGTTATTGG
hs_chr16 +  ******************************************************
3´ end    AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE4. 9a
5´ end      ACTTTACAAGAGTCTTTTAAGGAGTGCTAAACATGAAATGAAAGACCATATGTATACATGTGCCATGCTGGTGCGCTGCCAACCCACTAATGT
hs_chr2 -  ******************************************************
3´ end    AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

pHLE5. 16a
5´ end      GGTGGTTGTCTAAAAATTTGGAGTAAAGCAGAAGGAAATGTAAAGTTAAGATAAGGATACGGTATTACCGCCATGCATCTG6AATAGGTTAAGGG
hs_chrX +  *******************************************************
3´ end    AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
pHLE6. 19a
5' end
TCTCACACTGTTAAACCTTCCTTTTGATTGAGAAGTTTTGAAAATCT
hs_chr11 –
TCTCACACTGTTAAACCTTCCTTTTGATTGAGAAGTTTTGAAAATCT
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATCTCTTCTTTTATAGAATCTCCCAATGGATATTTTTGAGGGCTTTGA

pHLE7. 8a
5' end
ATTTCGAGATACAAACTGGTCTAAGTGAACATATAAAAATAGAAA
hs_chr5 –
ATTTCGAGATACAAACTGGTCTAAGTGAACATATAAAAATAGAAA
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAGAAAAATAGAAATTGCTTCAAGGCTGAATATAATCCTGATATAGCAGTC

pHLE7. 20b
5' end
CATTCCGATAAATGTCGAATGCAAAATGTTCTCTTCTAATTGGTAATAAAAAATATACCT
hs_chr5 +
CATTCCGATAAATGTCGAATGCAAAATGTTCTCTTCTAATTGGTAATAAAAAATATACCT
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGATGAAAGAACTGTGTGACCAGGAGGGCACTGTAACCTATGA

pHLE8. 12a
5' end
TCAATCGAGGTAAAAATAAAAAGAATAAATTAACAAATAAACAAATATA
hs_chr11 +
TCAATCGAGGTAAAAATAAAAAGAATAAATTAACAAATAAACAAATATA
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAGAAAAATAGAAATTGCTTCAAGGCTGAATATAATCCTGATATAGCAGTC

pHLE8. 25a
5' end
ATACAGGACCCCATCTTTGTGCGACTGATGAAAAAGCATGCGCTCTTTTTTTTTAAAACATCTTTTTTTTATTTTTAAAAAGATCTAAG
hs_chr5 –
ATACAGGACCCCATCTTTGTGCGACTGATGAAAAAGCATGCGCTCTTTTTTTTTAAAACATCTTTTTTTTATTTTTAAAAAGATCTAAG
3' end
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGACATGGGTTTATCTTGTGCCAAGGCCAAGGCTATTTTAATATT