

Supplementary Table 1. Single-gene q-ChIP data for the results presented in the indicated Figures

Data are shown as mean $\pm$ SD

Conditions	ChIP	Data in Figure	Gene name									
			<i>Dad1</i>		<i>Lpp</i>		<i>Tbc1d1</i>		<i>Cabin1</i>		<i>Dlk</i>	
			Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD
Basal	SLUG	Figure 1B	1,42	0,3	2,82	0,12	0,81	0,04	1,12	0,09	2,11	0,25
Basal	SNAIL	Figure 1B	4,32	0,5	3,24	0,03	4,14	0,21	3,21	0,56	6,12	0,21
SLUG	SLUG	Figure 1B	6,41	1,1	10,2	0,84	8,12	1,12	7,65	0,69	8,54	1,25
SLUG	SNAIL	Figure 1B	0,15	0,07	1	0,23	0,07	0,05	0,3	0,1	0,17	0,06
SNAIL	SLUG	Figure 1B	0,23	0,1	0,41	0,03	0,32	0,04	0,09	0,02	0,12	0,02
SNAIL	SNAIL	Figure 1B	12,41	0,87	10,21	1,1	9,35	0,65	12,26	1,25	11,25	1,54
Scramble	AHR	Figure 1C	2,82	0,4	3,48	0,96	3,24	0,23	3,03	0,21	1,51	0,08
Scramble	SLUG	Figure 1C	1,42	0,3	2,82	0,12	0,81	0,04	1,12	0,09	2,11	0,25
Scramble	SNAIL	Figure 1C	4,32	0,5	3,24	0,03	4,14	0,21	3,21	0,56	6,12	0,21
shAHR	AHR	Figure 1C	1,11	0,23	0,21	0,05	0,53	0,1	1,03	0,08	0,11	0,03
shAHR	SLUG	Figure 1C	0,31	0,02	0,54	0,12	0,06	0,01	1,54	0,04	1,07	0,12
shAHR	SNAIL	Figure 1C	0,87	0,12	1,24	0,06	0,61	0,2	1,53	0,98	1,74	0,32
Basal	TFIIB	Figure 3B	0,42	0,05	0	0	0,06	0,01	0,5	0,01	0,4	0,05
AHR	TFIIB	Figure 3B	0	0	0,24	0,08	0	0	0,01	0	0,05	0,01
SLUG	TFIIB	Figure 3B	0,05	0,02	0,6	0,01	0,01	0,01	0,04	0,01	0,06	0,01
AHR/SLUG	TFIIB	Figure 3B	0,03	0,03	0,1	0	0	0	0,02	0,01	0,04	0,02
Basal	TFIIC	Figure 3B	0,72	0,2	0,28	0,03	0,29	0,3	0,75	0,2	1	0,2
AHR	TFIIC	Figure 3B	0	0	0,17	0,05	0	0	0,12	0,04	0,05	0,01
SLUG	TFIIC	Figure 3B	0,01	0,02	0,02	0	0,03	0,02	0,03	0,01	0	0
AHR/SLUG	TFIIC	Figure 3B	0,008	0	0,01	0,02	0,001	0	0,007	0,01	0	0
Basal	POL III	Figure 3B	4	0,5	2,6	0,4	10	2	2,3	0,5	4,4	0,8
AHR	POL III	Figure 3B	0,87	0,2	0,4	0,1	2,39	0,5	0,8	0,2	0,5	0,2
SLUG	POL III	Figure 3B	0,4	0,2	0,2	0,05	0,1	0,05	0,2	0,05	0,1	0,08
AHR/SLUG	POL III	Figure 3B	0,28	0,1	0,11	0,01	0,09	0	0,09	0,02	0,3	0,08
Basal	H3	Figure 3C	0,35	0,03	0,5	0,1	0,3	0,01	0,4	0,01	0,6	0,03

AHR/SLUG	H3	Figure 3C	0,4	0,02	0,3	0,1	0,4	0,05	0,3	0,04	0,4	0,01
Basal	POL II	Figure 4B	11	2,3	0	0	0	0	14	1,8	0,7	0,03
AHR	POL II	Figure 4B	12	2,1	12	3	15	2,5	70	12,4	10	0,8
Basal	POL III / TFIIIC	Figure 5B	4,2	0,5	1,95	0,4	2,24	0,3	2,24	0,4	2,76	0,6
Basal	POL III / POL II	Figure 5B	1,82	0,5	1,48	0,3	1,04	0,25	0,6	0,01	0,6	0,02
Basal	POL III / GAPDH	Figure 5B	1,95	0,4	1,12	0,3	1,58	0,2	0,79	0,02	0,37	0,01
Basal	CTCF	Figure 6D	0,43	0,1	0,43	0,08	0,08	0,02	4	0,5	0,17	0,03
AHR/SLUG	CTCF	Figure 6D	0,57	0,06	0,53	0,09	0,25	0,4	19	1,1	0,15	0,04
AHR/SLUG+ABA	CTCF	Figure 6D	0,49	0,2	0,48	0,09	0,14	0,2	8	0,8	0,16	0,05
Basal	PARP1	Figure 6D	0,46	0,1	0,25	0,05	0,06	0,01	0,4	0,01	0,18	0,03
AHR/SLUG	PARP1	Figure 6D	0,81	0,3	0,53	0,05	0,21	0,3	0,37	0,01	0,46	0,1
AHR/SLUG+ABA	PARP1	Figure 6D	0,5	0,1	0,6	0,1	0,2	0,04	0,3	0,01	0,3	0,06

Supplementary Table 2. Single-gene q-ChIP data for the results presented in Figure 6A and 6B

Data are shown as mean $\pm$ SD

ChIP	B1-X35S		Conditions	Primer positions									
				-1000		-500		500		1000		1500	
				Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD
H3K9me3	Dad1	Figure 6A	Basal	0	0	0,2	0,01	0,09	0,01	0,03	0,01	0,01	0,02
		Figure 6A	AHR/SLUG	0,33	0,1	0,35	0,1	0,39	0,1	0,49	0,05	0,72	0,3
	Lpp	Figure 6A	Basal	0,12	0,02	0,24	0,02	1,1	0,2	0,86	0,01	1,1	0,2
		Figure 6A	AHR/SLUG	0,29	0,04	0,13	0,03	1,9	0,2	3,6	0,4	3,5	0,3
	Cabin1	Figure 6A	Basal	0,18	0,02	0,14	0,02	0,8	0,11	0,3	0,02	0,4	0,1
		Figure 6A	AHR/SLUG	0,29	0,03	1	0,1	2,8	0,12	0,27	0,1	0,37	0,2
H3K27me3	Dad1	Figure 6B	Basal	0,39	0,1	0,91	0,1	0,5	0,03	0,1	0,05	0,19	0,05
		Figure 6B	AHR/SLUG	1	0,2	0,82	0,09	0,96	0,04	0,4	0,03	1,1	0,2
	Lpp	Figure 6B	Basal	1,28	0,21	1,68	0,12	2,78	0,8	1,84	0,4	1,5	0,1
		Figure 6B	AHR/SLUG	1,46	0,18	1,8	0,11	3	0,4	3,6	0,5	4	0,06
	Cabin1	Figure 6B	Basal	0,34	0,08	0,41	0,09	2,74	0,6	0,92	0,2	1	0,02
		Figure 6B	AHR/SLUG	0,55	0,1	1,52	0,19	6,42	1	1,2	0,4	2,4	0,9

Supplementary Table 3

Gene Ontology comparison of genes with B1-X35S and the rest of the genome

GO Name ¹	GO ID	B1-X35S prom ² vs rest of genome	B1-X35S intron ³ vs rest of genome	B1-X35S prom ⁴ vs B1-X35S intron
Neurological Process	GO:0050877	31.2% vs 68.8%	25.1% vs 74.9%	
Primary Metabolic Process	GO:0044238	53.1% vs 46.9%	53.0% vs 47.0%	
Sensory Perception	GO:0007600	26.3% vs 73.7%	14.9% vs 85.2%	
Signal Transduction	GO:0007165	44.2% vs 55.8%	46.4% vs 53.6%	
ATP binding	GO:0005524	58.0% vs 42.1%	60.3% vs 39.7%	
G-protein coupled receptor activity	GO:0004930	30.5% vs 69.5%	21.1% vs 78.9%	
Cell communication	GO:0007154	44.3% vs 55.7%	47.2% vs 52.8%	
Cell Cycle	GO:0007049	58.2% vs 41.8%		
Ubiquitin Ligase complex	GO:0000151	73.5% vs 26.5%		
Nucleotide binding	GO:0000166	57.4% vs 42.6%		
Establishment of localization	GO:0051234		57.2% vs 42.9%	
Defense response	GO:0006952		36.3% vs 63.7%	
Transport	GO:0006810		57.3% vs 42.7%	
Secretion	GO:0046903		60.1% vs 39.9%	
Cell motility	GO:0006928		58.3% vs 41.7%	
Cell Adhesion	GO:0007155		59.5% vs 40.5%	29.3% vs 70.7%
Response to biotic stimulus	GO:0009607		32.4% vs 67.6%	74.4% vs 25.7%
Structural constituent of ribosome	GO:0003735		21.2% vs 78.8%	83.4% vs 16.6%
Protein binding	GO:0005515		55.5% vs 44.5%	46.1% vs 53.9%

¹ Gene ontology (GO) classification into different functional categories.

² Percentage of genes having B1-X35S in upstream promoter regions (<10 kb) with respect to the percentage of genes not having B1-X35S.

³ Percentage of genes having B1-X35S in introns with respect to the percentage of genes not having B1-X35S.

⁴ Percentage of genes having B1-X35S in upstream promoter regions (<10 kb) with respect to the percentage of genes having B1-X35S in introns.

All comparisons are statistically significant at $p < 0.001$.

Supplementary Table 4

Primer sequences used in ChIP assays

Gene name*	Primer sequence (5'-3')
<i>Dad1</i>	<i>Forward:</i> CTGGCCTCCAACCTCAGGAAT <i>Reverse:</i> GGGAGAGTAGAGGGGGCATA
<i>Lpp</i>	<i>Forward:</i> GGTCCATCCTCTGGACAAAT <i>Reverse:</i> TACCAACACAGGTTGGAGGA
<i>Cabin1</i>	<i>Forward:</i> CAAACTCTTACAATATGGGGGA <i>Reverse:</i> CACCATGTTGGGAATTGAACT
<i>Tbc1d1</i>	<i>Forward:</i> AACACCCTGAGTCATTTCCC <i>Reverse:</i> CGCATGAGTTTCCTTTGAGA
<i>Dlk1</i>	<i>Forward:</i> ACATTTGCCCAGTGAGCTTT <i>Reverse:</i> GTTGGTTGGTTGGTTTGGTT
<i>tRNA-Leu</i>	<i>Forward:</i> CTGTAAGTCAGGATGGCCG <i>Reverse:</i> TGGACAGACAAGCAGAAACAA
<i>Dad1(-1000)</i>	<i>Forward:</i> TTGGAGAGCTGGCAACTATG <i>Reverse:</i> AGGAGGGGCAAATGAGTATG
<i>Dad1(-500)</i>	<i>Forward:</i> AGGACAACAAAAGCTCCCATA <i>Reverse:</i> CGCTTATTTGGAACATGTGG
<i>Dad1(+500)</i>	<i>Forward:</i> CCAATGTGTCTTTGCCAGTC <i>Reverse:</i> TCCAGAGCCCATGATAAATG
<i>Dad1(+1000)</i>	<i>Forward:</i> TAATTTCCAGGCGAGGCTAC <i>Reverse:</i> GCTCATGTGCAGAGGGATAG
<i>Lpp(-1000)</i>	<i>Forward:</i> TCCACACTGGCCATCATATT <i>Reverse:</i> GCCAAGTGCTAGGAGGTCTT
<i>Lpp(-500)</i>	<i>Forward:</i> AGGGAAAATATGCCCACAAA <i>Reverse:</i> ATCATTTTGTCCCACTGCAA

Supplementary Table 4 (continued)

<i>Lpp</i> (+500)	<i>Forward:</i> CATCAATGGGAGGAGAGGAC <i>Reverse:</i> TCAAATGCTATCCCCTTTCC
<i>Lpp</i> (+1000)	<i>Forward:</i> GCAGCATTAGTTGGCACAGT <i>Reverse:</i> AATGAAGCTGCTTGTGATGC
<i>Cabin1</i> (-1000)	<i>Forward:</i> TGTTCTGTTTGAGGCTCTGG <i>Reverse:</i> GTCAGGGCCACCTAGAAAGA
<i>Cabin1</i> (-500)	<i>Forward:</i> CCGCATTTTGTTGTTGTTGT <i>Reverse:</i> ATTTAAAGCTGGGCATGGTG
<i>Cabin1</i> (+500)	<i>Forward:</i> CCAGAAGAAGCCAGAAGAGG <i>Reverse:</i> TGGCAAAGTATCCCACAAGA
<i>Cabin1</i> (+1000)	<i>Forward:</i> ACGTTTCTTAAGCGGGTCTG <i>Reverse:</i> CCTGGTCTGGA ACTCCGTAT

*Each “gene name” indicates a gene having a B1-X35S element within 10 Kbp of genomic sequence upstream of the transcription start site.

Supplementary Table 5

Additional primer sequences used

Oligo name	Primer sequence (5'-3')
<i>Primers for DNA binding affinity, enhancer blocking assays and in vitro transcription</i>	
<i>B1-X35</i>	GCCGGGCGTGGTGGCGCACGCCTTTAATCCCAGCACTTGGG AGGCAGAGGCAG
<i>B1-35S</i>	CGAGACAGGGTTTCTCTGTATGCCCTGGCTGTCCTGGAAGTC ACTCTGTAGACCAGGCTGGCCTCGAACTCAGAAATCCACCT GCCTCTGCCTCCCAAGT
<i>B1-Xmut35</i>	GCCGGGCGTGGTGGCGCTATCCTTTAATCCCAGCACTTGGG AGGCAGAGGCAG
<i>B1-35Smut</i>	CGAGACAGGGTTTCTCTGTATGCCCTGGCTGTCCTGGAAGTC ACTCTGTAGACCAGGCTGGCCTCGAACTCAGAAATCTGCCT GCCTCTGCCTCCCAAGT
<i>B1-X35-ABmut</i>	GCCGGGGAATTCGGCGCACGCCTTTAATCCCAGCACTTGGG AGGCAGAGGCAG
<i>B1-35S-ABmut</i>	CGAGACAGGGTTTCTCTGTATGCCCTGGCTGTCCTGGAAGTC ACTCTGTAGACCAGGCTGGCCGAATTCTCAGAAATCCACCT GCCTCTGCCTCCCAAGT
<i>Primers for DNA binding affinity, enhancer blocking assays and strand-specific in vitro transcription</i>	
<i>B1-Flank-F</i>	CTCGAGCTGCAGGCCGGGCGTGGTGGC
<i>B1-Flank-R</i>	CTCGAGCTGCAGCGAGACAGGGTTTCT
<i>Primer for specific B1-X35S PCR amplification</i>	
<i>B1-X35S-R</i>	TGGCCTCGAACTCAGAAATCCA