

Double-stranded methylation patterns of a 104-bp L1 promoter in DNAs from male and female fibroblasts, male leukocytes and female lymphoblastoid cells using hairpin-bisulfite PCR. Fifteen L1 sequences were analyzed for DNAs from the first three sources; twelve L1 sequences were analyzed from the fourth source. (Posted on the Laird Lab website 11-03-06)

MALE ADULT FIBROBLAST LINE (82-6hTERT)

MFIB_NM241 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTGTTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM243 (100%)

TTAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GATTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTATGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM244 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTATT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGATTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM246 (99%)

TTAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATTTTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGTTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GATTAGTTTTTTTTTTTATTGTTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM247 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGAGTATTAAGTATGATGTGTT
GGTTAG--TTTTTTTTTTTATTGCTTATGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM248 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM249 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATAGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGTTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATGATCGGAAAAGTTTGTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTAAAGAGT

MFIB_NM250 (100%)

TCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM251 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM253 (100%)

TCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGATCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAGAAACCGCCATTAAGTATGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTGTTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGGGTGGTTTGTATATGAGT

MFIB_NM254 (99%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGATGGATCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGTGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTATTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAACGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGTGTGGTTTGTATGAGT

MFIB_NM255 (99%)
TGAGTTAAAGAAAGTGTGACCGATCGTATTTGGAAAAACGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAACGGTAAATTAAGTGATGTGTT
GCTTAG-TTTTTTTTAAATTGCTTATGTGGATTTTTTTAGCTGAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGTGTGGTTTGTATGAGT

MFIB_NM257 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCG-TATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTGCAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAA-TTTTTCTCCGTGGTTTGTATGAGT

MFIB_NM258 (99%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGCATTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGCCGTGGTTTGTATGAGT

MFIB_NM259 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTGCAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAG-TTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTATGCCGTGGTTTGTATGAGT

FEMALE ADULT FIBROBLAST LINE (81-58A)

FFIB_NM78 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGCCGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM80 (98%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTGCAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGCCGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM81 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGCCGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM82 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAAATCGGATTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGCCGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM83 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGATAGACCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAACGGTAAATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGTGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM84 (98%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGATCGACCGTATTTGGAAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTGCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAG-TTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTATTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTCTGCCGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM85 (100%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM86 (100%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM87 (100%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM88 (100%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM89 (98%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFFIB_NM92 (98%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM95 (100%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM97 (98%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

FFIB_NM98 (98%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

MALE LEUKOCYTE DNA (A102)

MLYM_NM135 (100%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

MLYM_NM136 (100%)
CGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTTCGAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAAGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGCTTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTTTGTATGAGT

MLYM_NM137 (100%)
CCAGTTAAAGGAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM139 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGATCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM140 (99%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAACGGTGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGTAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM141 (100%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGATCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTATTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM143 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM144 (100%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
ATTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM147 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGTGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGTGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM150 (100%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGATAGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAG-TTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGTGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM151 (100%)
CCAGTT-AAAGAAAGGGGTGACCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTGATCGGTTTAAAAAACGGTGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATGATCGAAAAGATTGATGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM174 (100%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGGGCGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGTAAAATTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM175 (98%)
CCAGTTAAAGAAAGGGGTGATAGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTACTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAACGGTGTATTAAGTGATGTGTT
GTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGTAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGTGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM177 (98%)
CCAGTT-AAAGAAAGGGGTGATCGACGTATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAAAAACGGTGTATTAAGTGATGTGTT
GGTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGATGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

MLYM_NM180 (100%)
TCAGTTAAAGAAAGGGGTGATCGGTGATTTGGAAAATCGGGTTATTTTATTCCAAATATTCCGTTTTTTAGATCGGTTTAAGAAAACGGCGTATTAAGTGATGTGTT
ATTAG-TTTTTTTTTTATTGCTTCCGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTGCTGAATTTTTTCTGGGTGGTGTGTTATGAGT

FEMALE LYMPHOBLASTOID DNA (A54)

FLYM_NM275 (100%)

TGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATGCTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAGAAATCGGTGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM276 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAGAAATCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM278 (100%)

TGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATGCTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAAACCGGTTTAAACCGGTGCTATTAAGTGATGTGTT
ATTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM279 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAGAAATCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM282 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAGAAATCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM283 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATGCTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAAAACCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM286 (100%)

TGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAGAAATCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATAAGT

FLYM_NM287 (100%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATGCTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAGAAATCGGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM290 (100%)

TGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATGCTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAAAACCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAG-TTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM291 (99%)

CCAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAAAACCGGCGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM294 (100%)

CCGAGTTAAAGAAAGGGGTGACCGATGCTATTTGGAAAATTCGGTTATTTTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAAAACCGGTGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAG-TTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGCCTATGTGGTTTGTATGAGT

FLYM_NM383 (99%)

CCAGTTAAATAAATGGGTGACCGACCGTATTTGGAAAATTCGGTTATTCTTATTCCAAATATTGCCTTTTTAGATCGGTTTAAAAACCGGTGCTATTAAGTGATGTGTT
GCTTAGTTTTTTTTTTTATTGCTTGTGTGGATTTTTTAGCTTAGTGAGGGTGGGCTTATAATCGGAAAAGTTTGCCTGAATTTTTTGTGTGTGGTTTGTATGAGT

Double-stranded methylation patterns in L1 promoter sequences from DNA of male and female fibroblasts, male leukocytes and female lymphoblastoid cells, using hairpin-bisulfite PCR. The full set of sequences from which data were derived for Table I in Burden *et al.*, 2005 are presented here. Methylation states were inferred using hairpin-bisulfite PCR, as described in Materials and Methods. Methylated CpG sites are highlighted in red and non-methylated CpG sites in blue. The hairpin linker is gray. Evolutionary divergences both within genomic consensus CpG dyads and at sites not within CpG dyads are also highlighted in yellow. For both examples of evolutionary divergence, information on the complementary strands of individual DNA duplexes distinguishes evolutionary changes from PCR errors, which are highlighted in green. Conversion efficiency of each sequence follows the sequence-identification number above each sequence; non-converted non-CpG cytosines, highlighted in magenta, were observed, but only sequences with $\geq 98.2\%$ conversion of non-CpG cytosines (representing one or zero non-conversion events per sequence) were used for analysis. Dashes within the sequence indicate sequencing errors resulting from uncalled bases.