

Effects of 5',8'-cyclo-2'-deoxypurines on the Base Excision Repair of Clustered DNA Lesions in Nuclear Extracts of XPC Cell Line

Supplementary Materials

Page	Item	Title
2	Figure S1	Verification of the ss-oligos labeling, hybridization, AP sites' formation (after UDG treatment) and SSBs' formation (after hAPE1 treatment)
2	Table S1	The calculated vs. found masses of chosen substrate oligonucleotides
3-6	Figure S2	Results of mass spectrometry analysis of chosen substrate oligonucleotides containing cdA
7-8	Figure S3	The autoradiograms presenting repair of ss-CDL and ds-CDL containing ScdA – XPC Nuclear Extract
9-10	Figure S4	The autoradiograms presenting repair of ss-CDL and ds-CDL containing RcdA – XPC Nuclear Extract
11-13	Figure S5	Graphical representation of repair assays' results for ScdA – XPC Nuclear Extract
14	Table S2	Numerical data – Control 1 – XPC Nuclear Extract
15-17	Table S3	Numerical data – ScdA – XPC Nuclear Extract
18-20	Figure S6	Graphical representation of repair assays' results for RcdA – XPC Nuclear Extract
21-23	Table S4	Numerical data – RcdA – XPC Nuclear Extract
24-27	Figure S7	AP site rejoining [%] of ScdA vs. RcdA – comparison of individual strands – XPC Nuclear Extract
28-29	Figure S8	The autoradiograms presenting repair of ss-CDL and ds-CDL containing ScdA – BJ Nuclear Extract
30-31	Figure S9	The autoradiograms presenting repair of ss-CDL and ds-CDL containing RcdA – BJ Nuclear Extract
32-34	Figure S10	Graphical representation of repair assays' results for ScdA – BJ Nuclear Extract
35	Table S5	Numerical data – Control 1 – BJ Nuclear Extract
36-38	Table S6	Numerical data – ScdA – BJ Nuclear Extract
39-41	Figure S11	Graphical representation of repair assays' results for RcdA – BJ Nuclear Extract
42-44	Table S7	Numerical data – RcdA – BJ Nuclear Extract
45-48	Figure S12	AP site rejoining [%] of ScdA vs. RcdA – comparison of individual strands – BJ Nuclear Extract
49-52	Figure S13	AP site rejoining [%] of BJ vs. XPC – comparison of individual strands – ScdA Nuclear Extract
53-56	Figure S14	AP site rejoining [%] of BJ vs. XPC – comparison of individual strands – RcdA Nuclear Extract

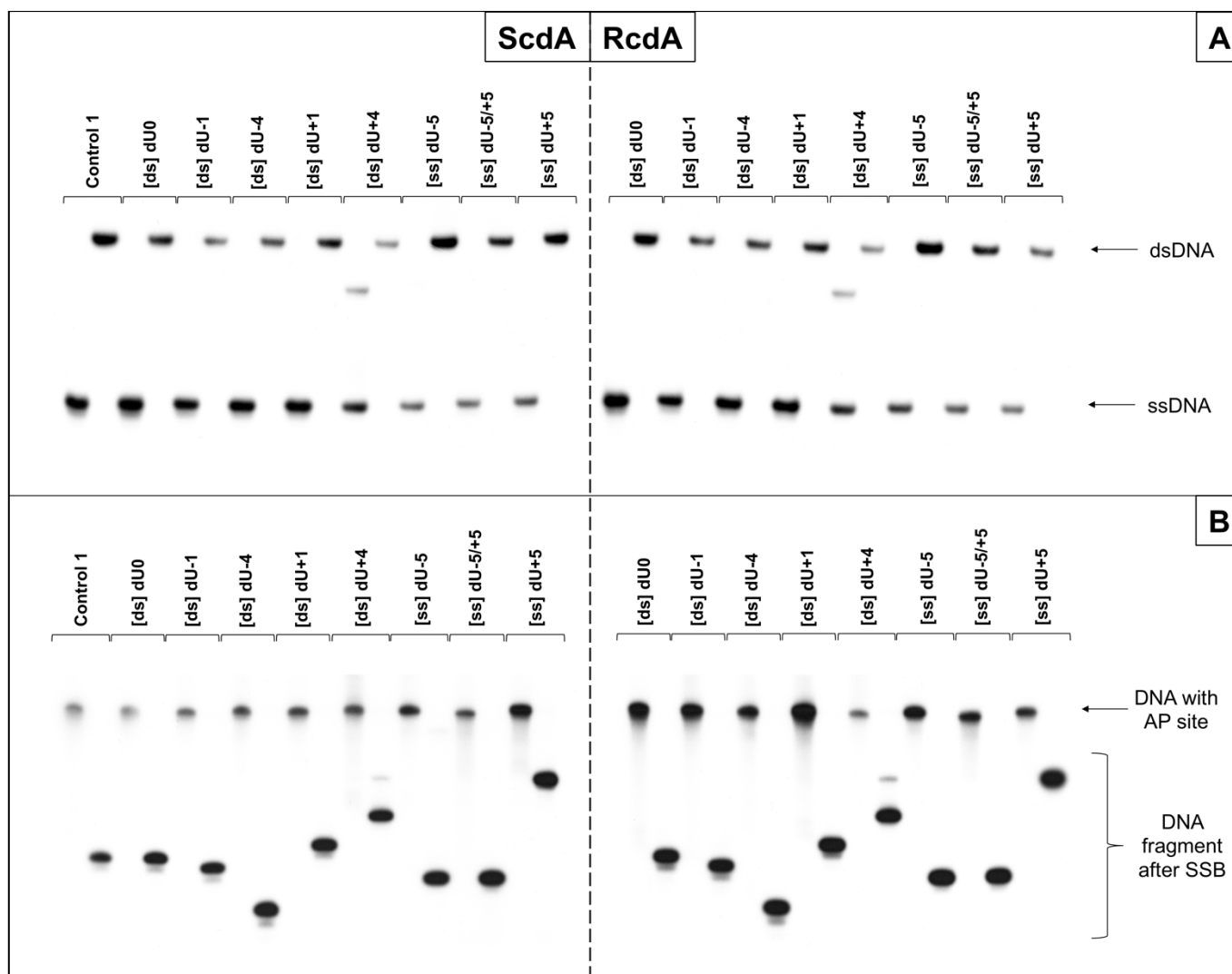
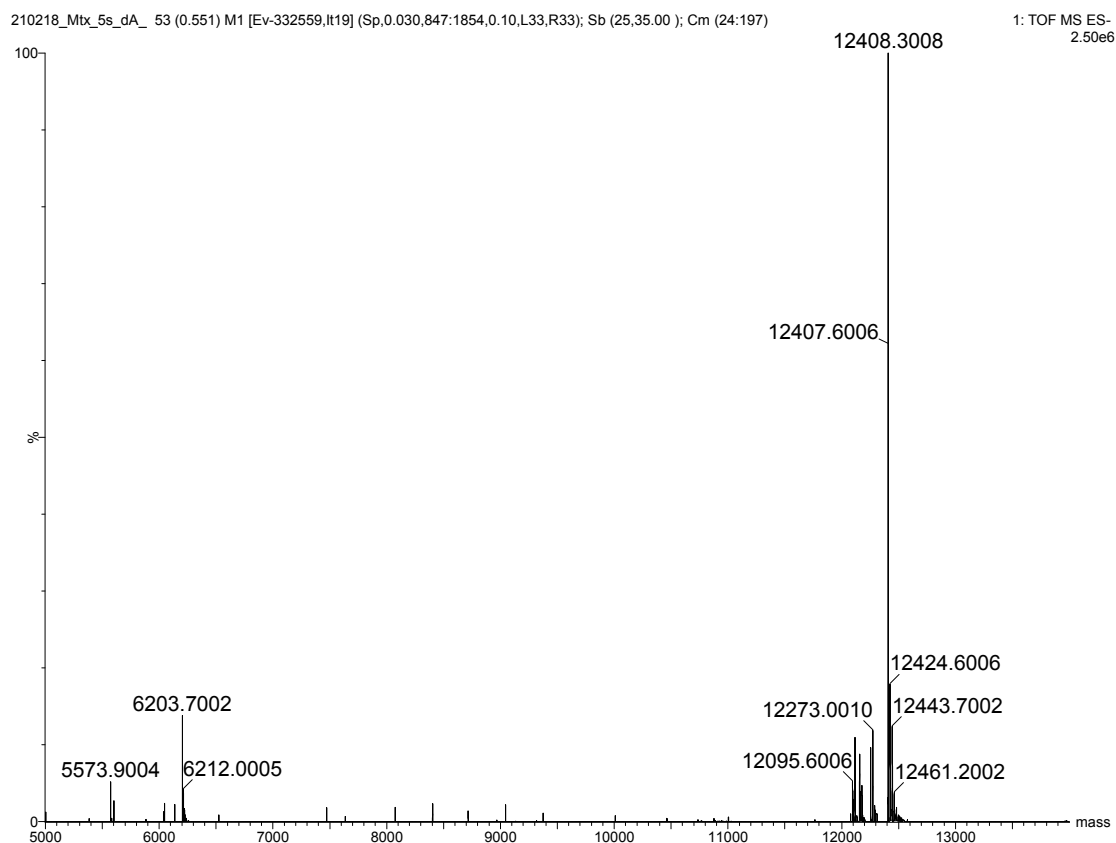


Figure S1. (A) Verification of efficient annealing of single-stranded (ssDNA) and double-stranded (dsDNA) oligonucleotides on the 15% native polyacrylamide gel. **(B)** Verification of AP sites' stability/purity and SSBs formation (after APE1 treatment) on the 15% denaturing polyacrylamide gel. [ds] – double-stranded lesions (located on the opposite DNA strands); [ss] – single-stranded lesions (located on the same DNA strand); SSB – single stranded break.

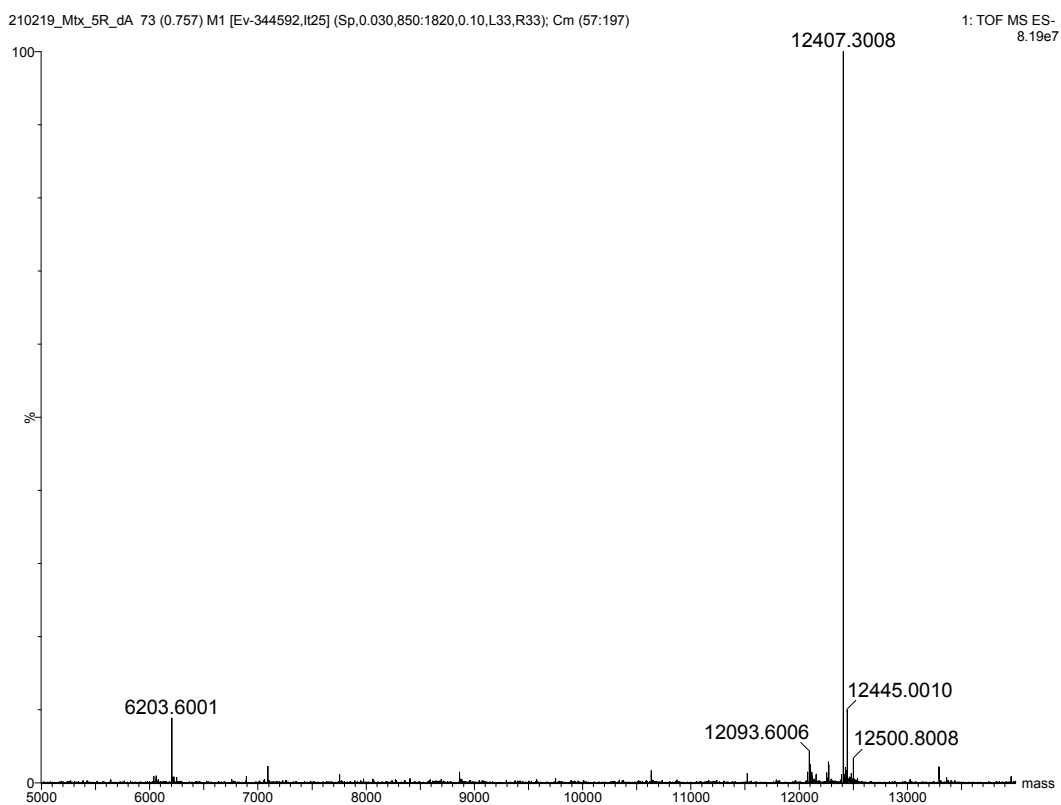
Table S1. The calculated vs. found masses of chosen substrate oligonucleotide strands used in the study.

Oligonucleotide	Calculated Mass	Found Mass
Control 1 – strand with dU	12,167.90	12,168.25
Control 1 – native strand	12,181.98	12,182.42
Mtx-ScdA	12,407.00	12,408.30
Mtx-RcdA	12,407.00	12,407.30
ScdA(-5)	12,165.90	12,166.501
ScdA(-5/+5)	12,166.89	12,167.2002
ScdA(+5)	12,180.90	12,181.541

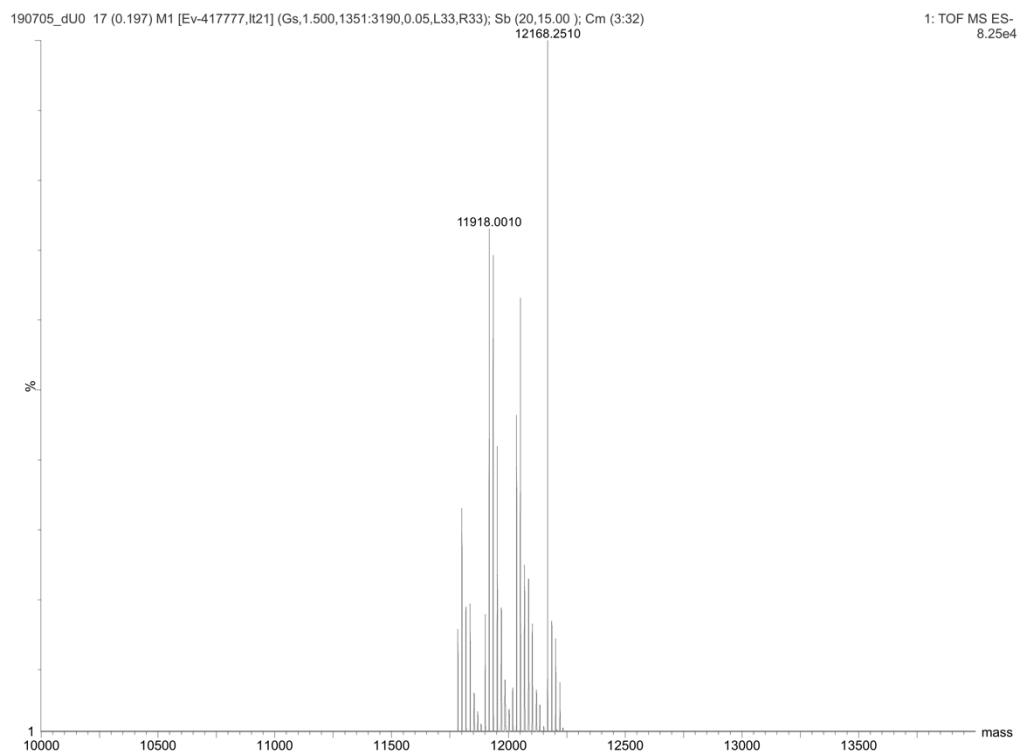
A.



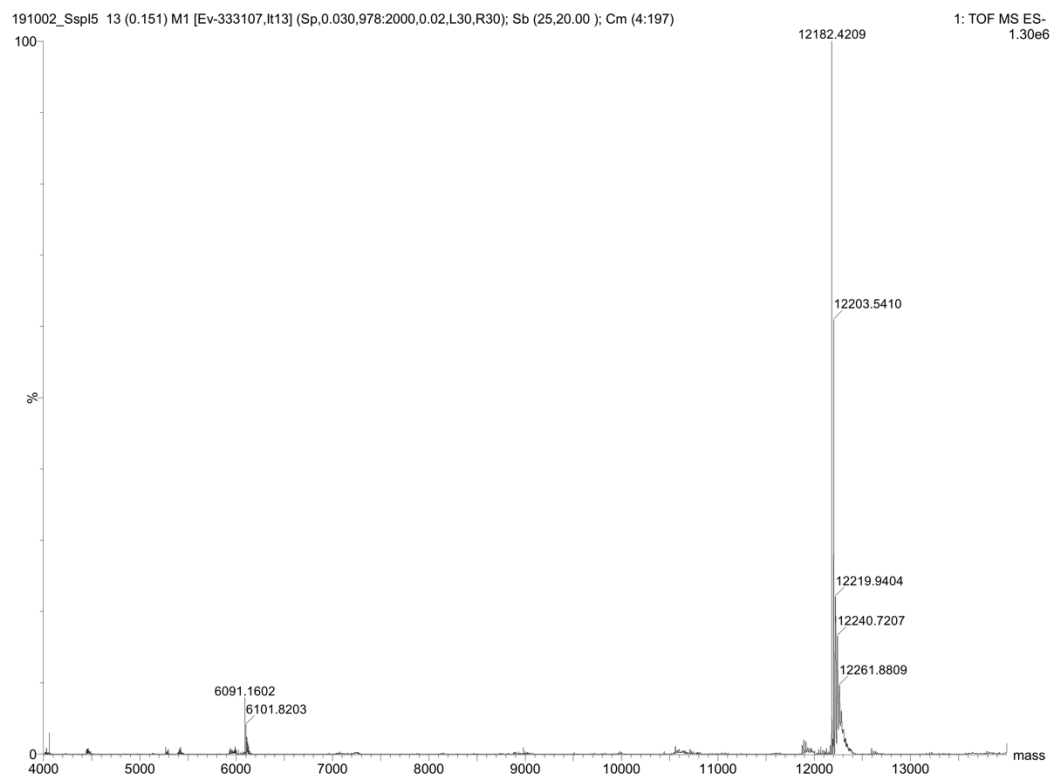
B.



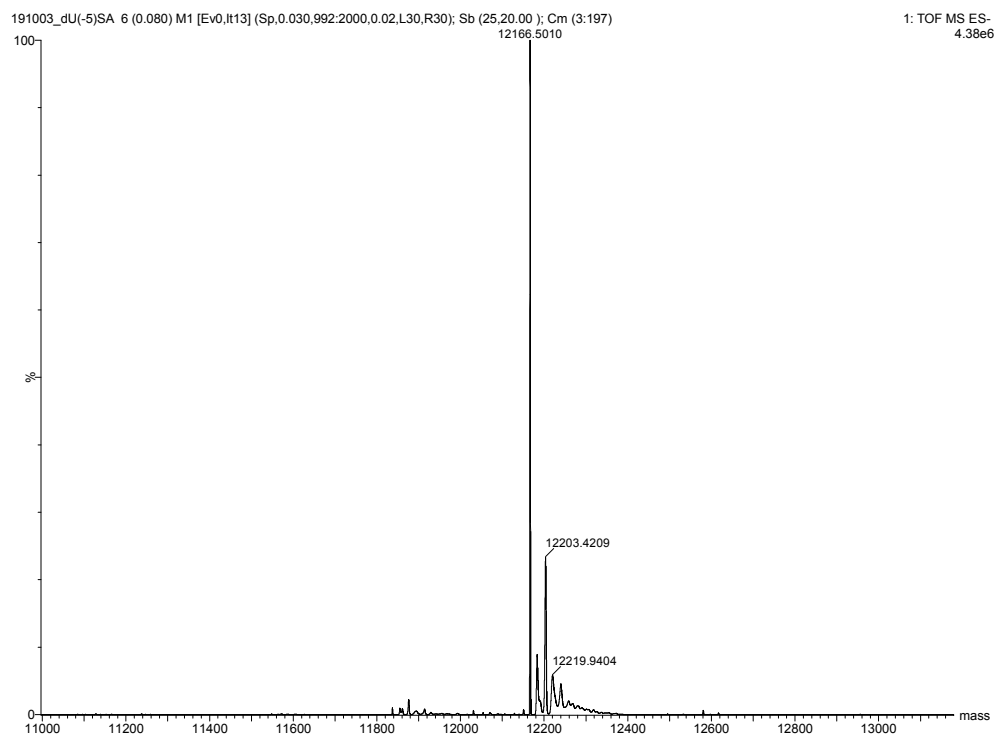
C.



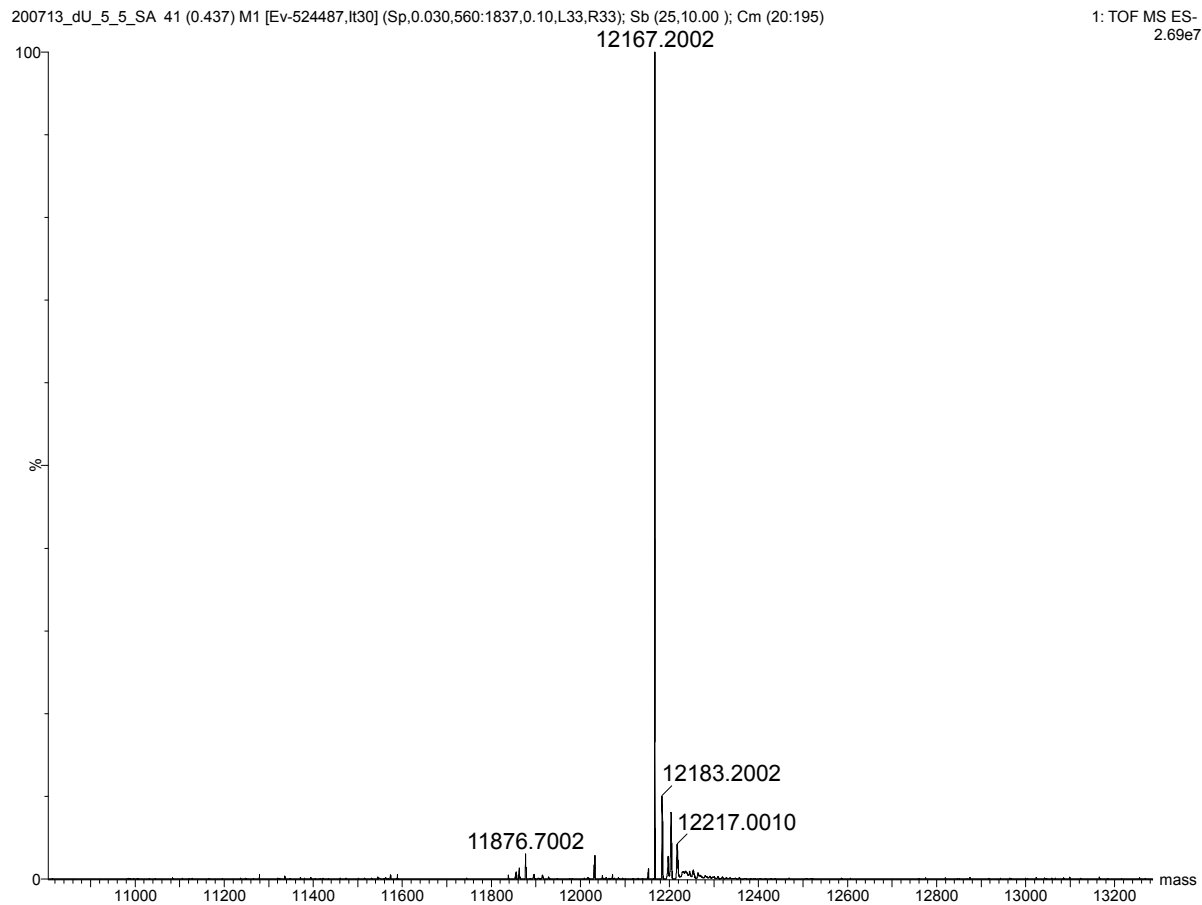
D.



E.



F.



G.

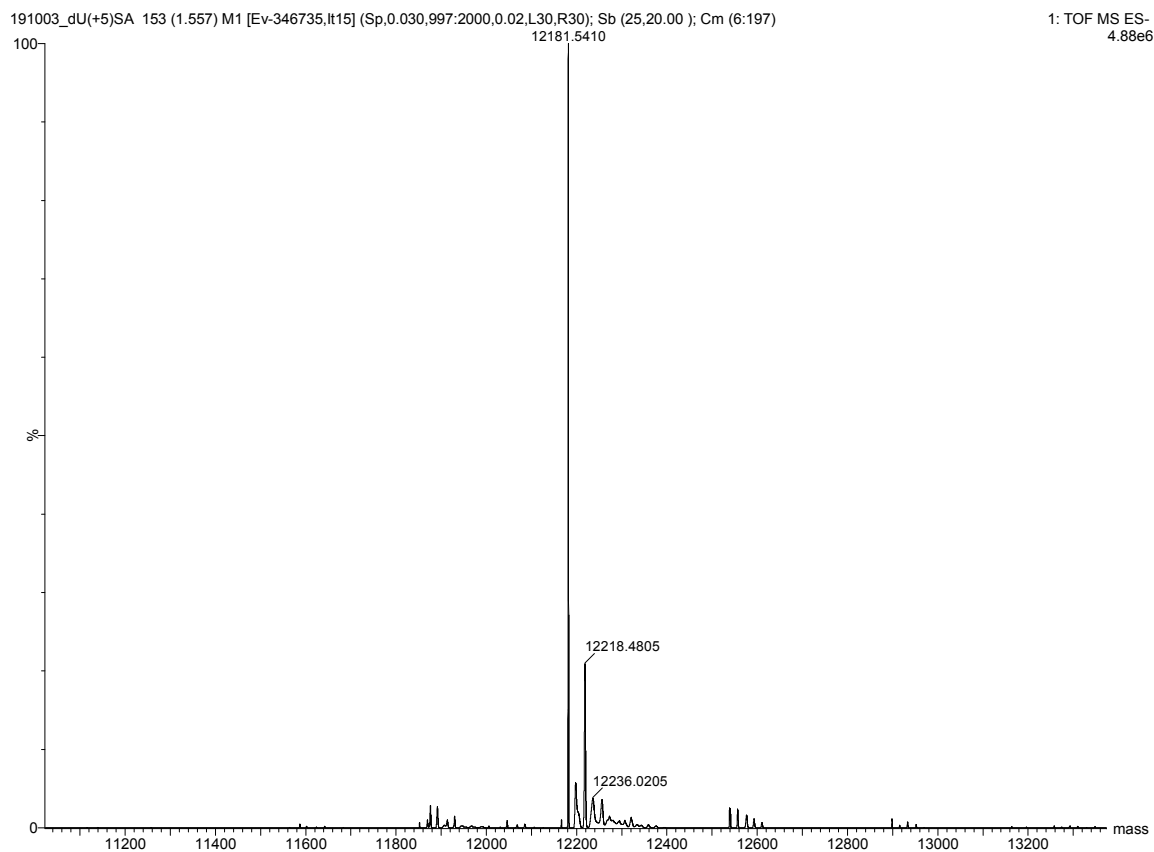
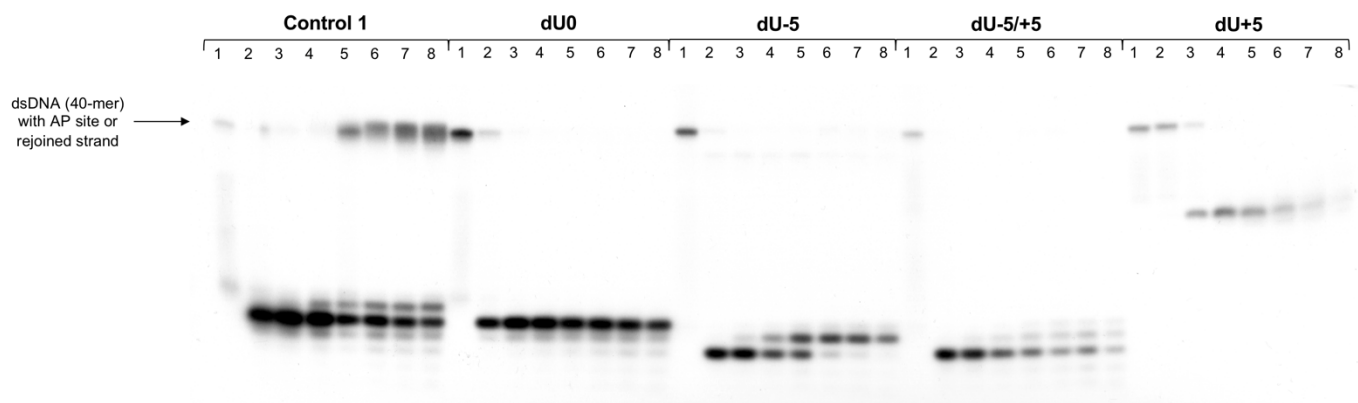


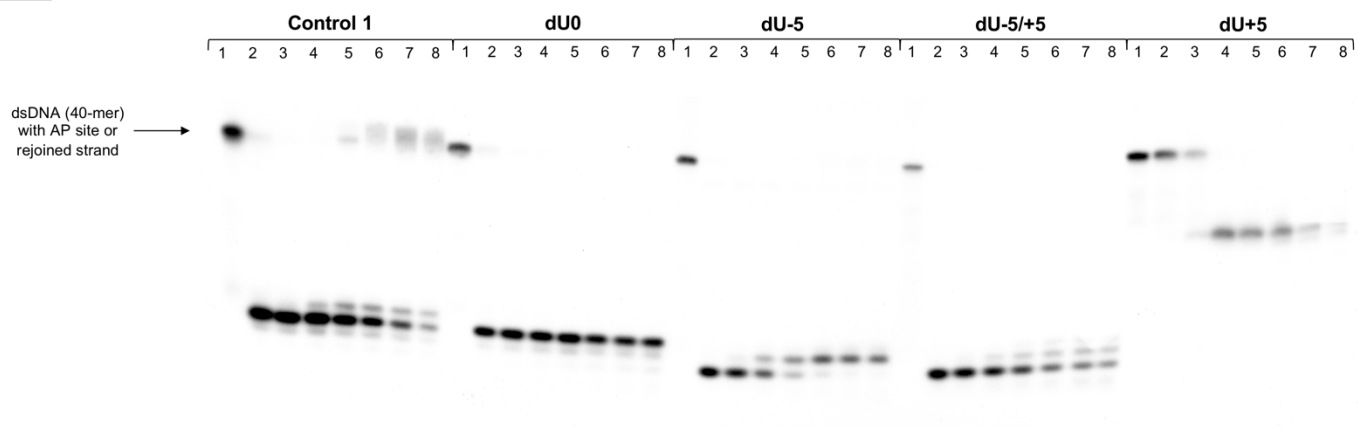
Figure S2. Results of mass spectrometry analysis of chosen substrate oligonucleotides containing cdA. **(A)** ssDNA with (5'S)-5',8-cyclo-2'-deoxyadenosine (Mtx-ScdA); **(B)** ssDNA with (5'R)-5',8-cyclo-2'-deoxyadenosine (Mtx-RcdA); **(C)** ssDNA with 2'-deoxyuridine (Control 1 – strand with dU); **(D)** native ssDNA (Control 1 – native strand); **(E)** ssDNA with (5'S)-5',8-cyclo-2'-deoxyadenosine and 2'-deoxyuridine in the -5 position (ScdA(-5)); **(F)** ssDNA with (5'S)-5',8-cyclo-2'-deoxyadenosine and two 2'-deoxyuridines in the -5 and +5 position (ScdA(-5/+5)); **(G)** ssDNA with (5'S)-5',8-cyclo-2'-deoxyadenosine and 2'-deoxyuridine in the +5 position (ScdA(+5)).

A.

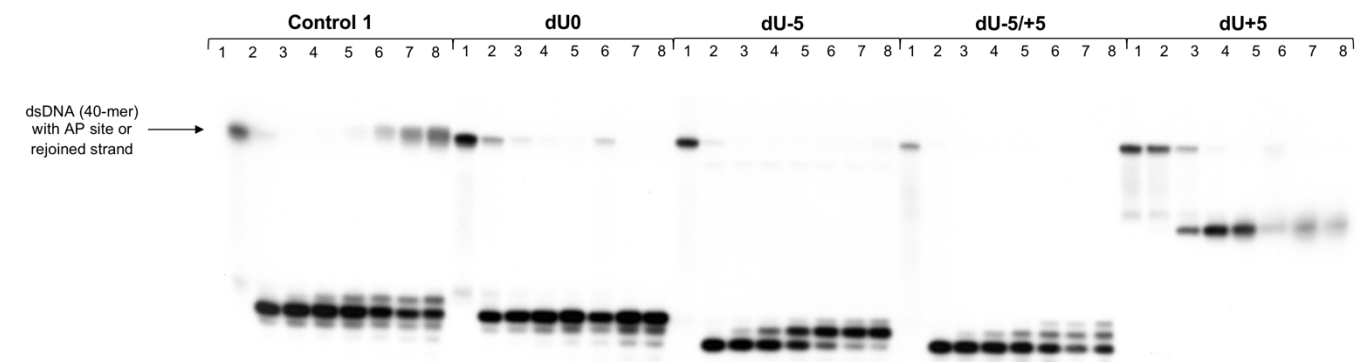
1



2



3



B.

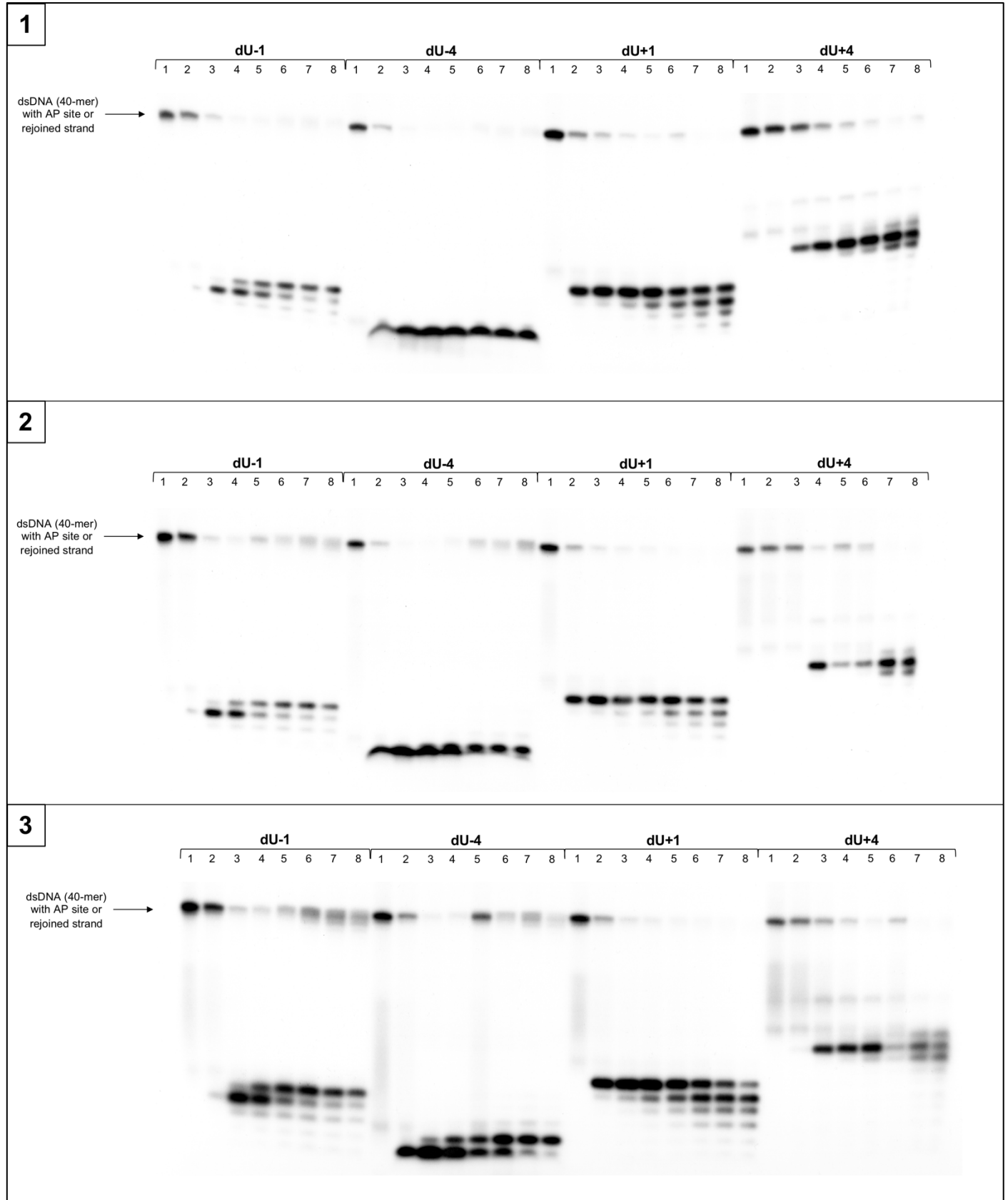
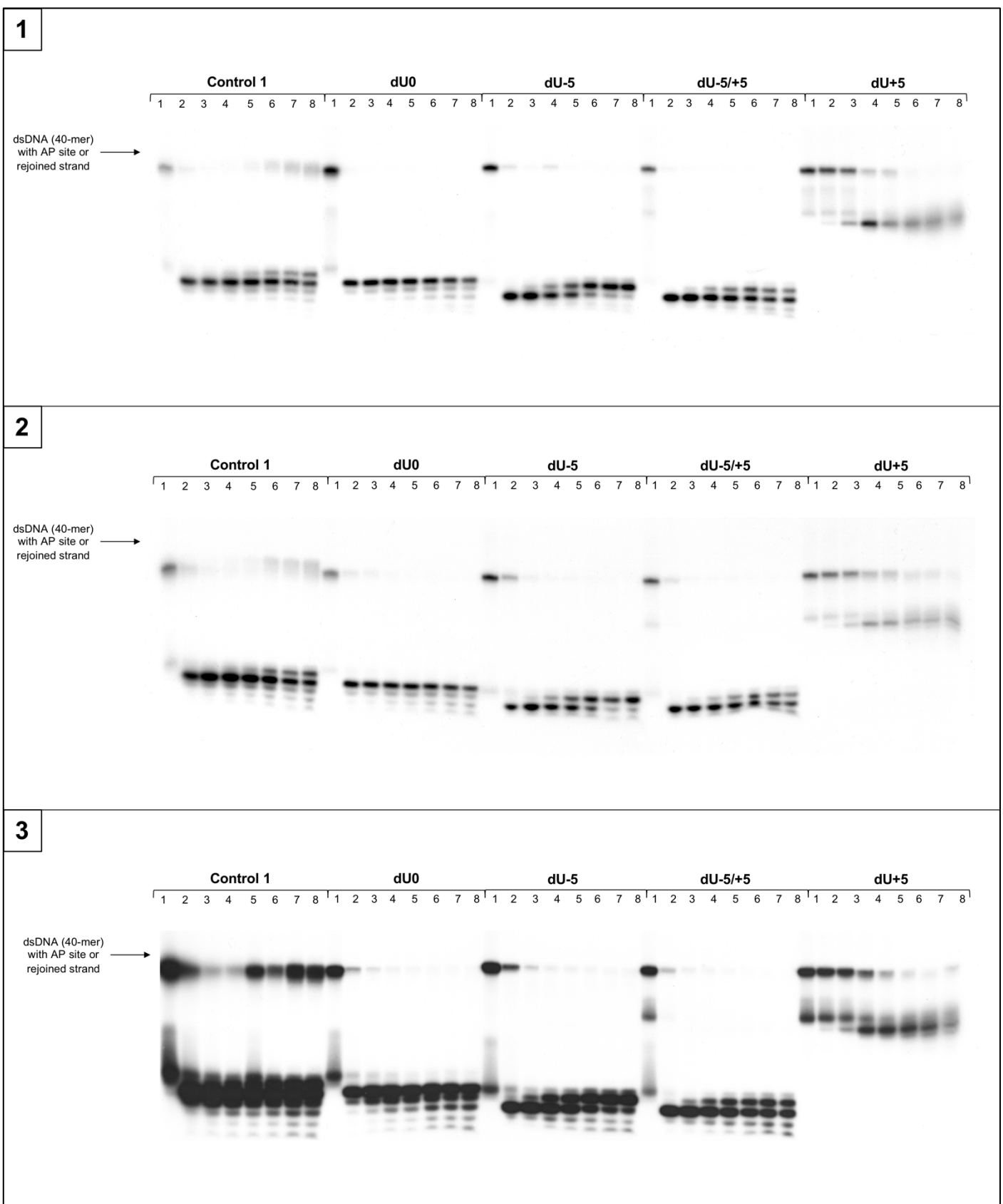


Figure S3. The autoradiograms presenting repair of (A) ss-CDL and (B) ds-CDL containing **ScdA** – XPC Nuclear Extract. Lanes correspond with different assay time: lane 1 - 0 min; lane 2 - 1 min; lane 3 – 5 min; lane 4 – 15 min; lane 5 – 30 min; lane 6 – 60 min; lane 7 – 90 min; lane 8 – 120 min. Three replications of the experiment are shown.

A.



B.

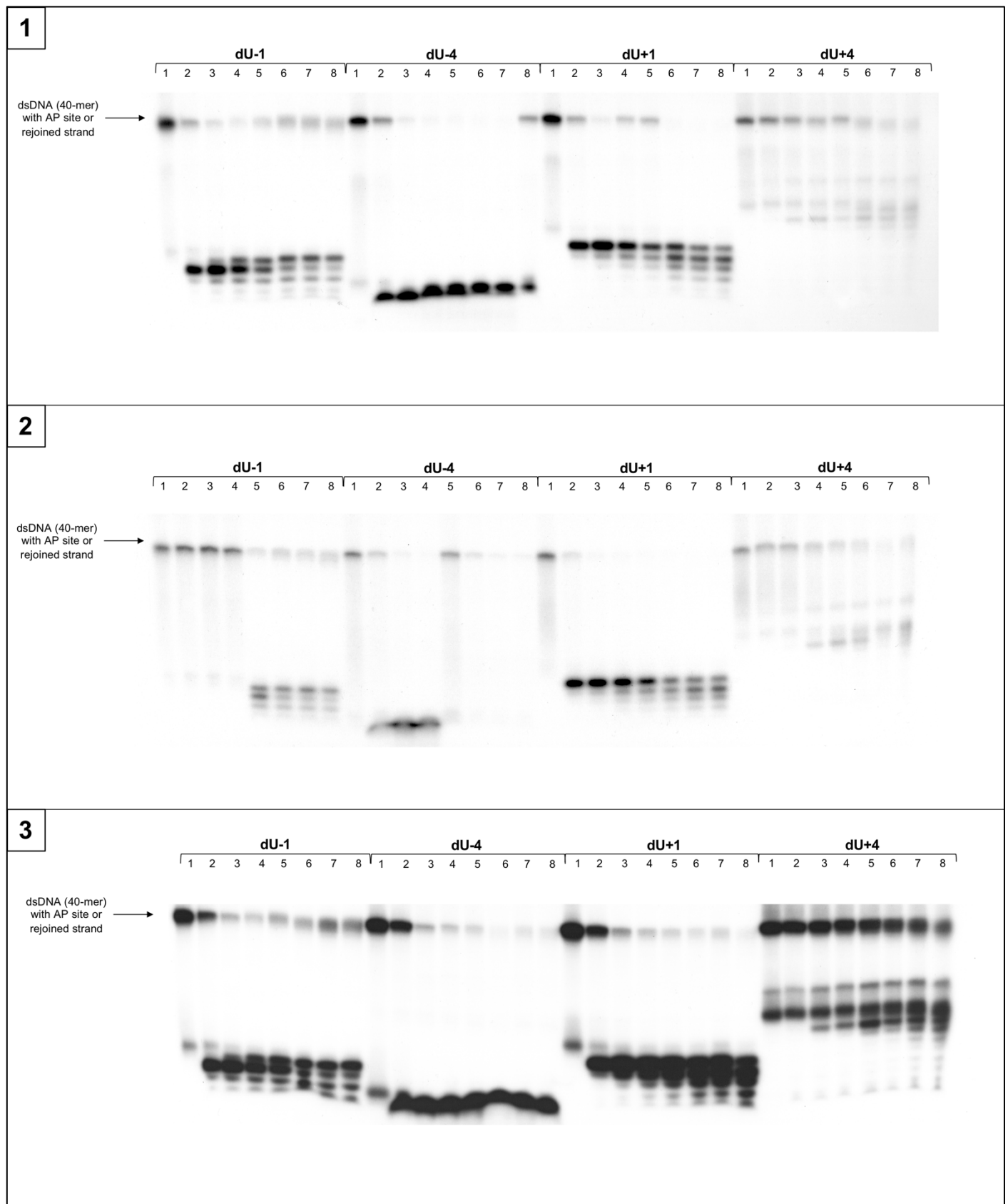
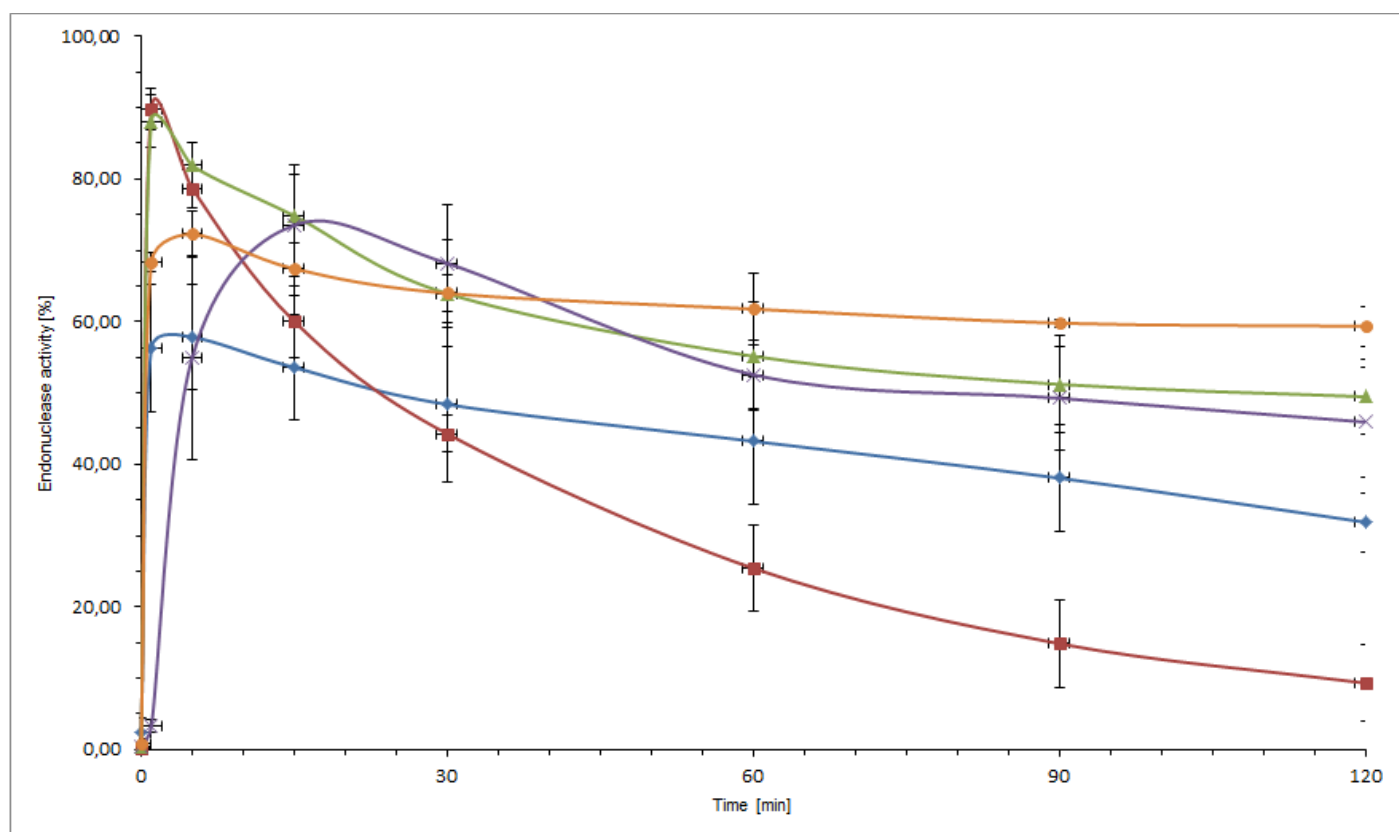
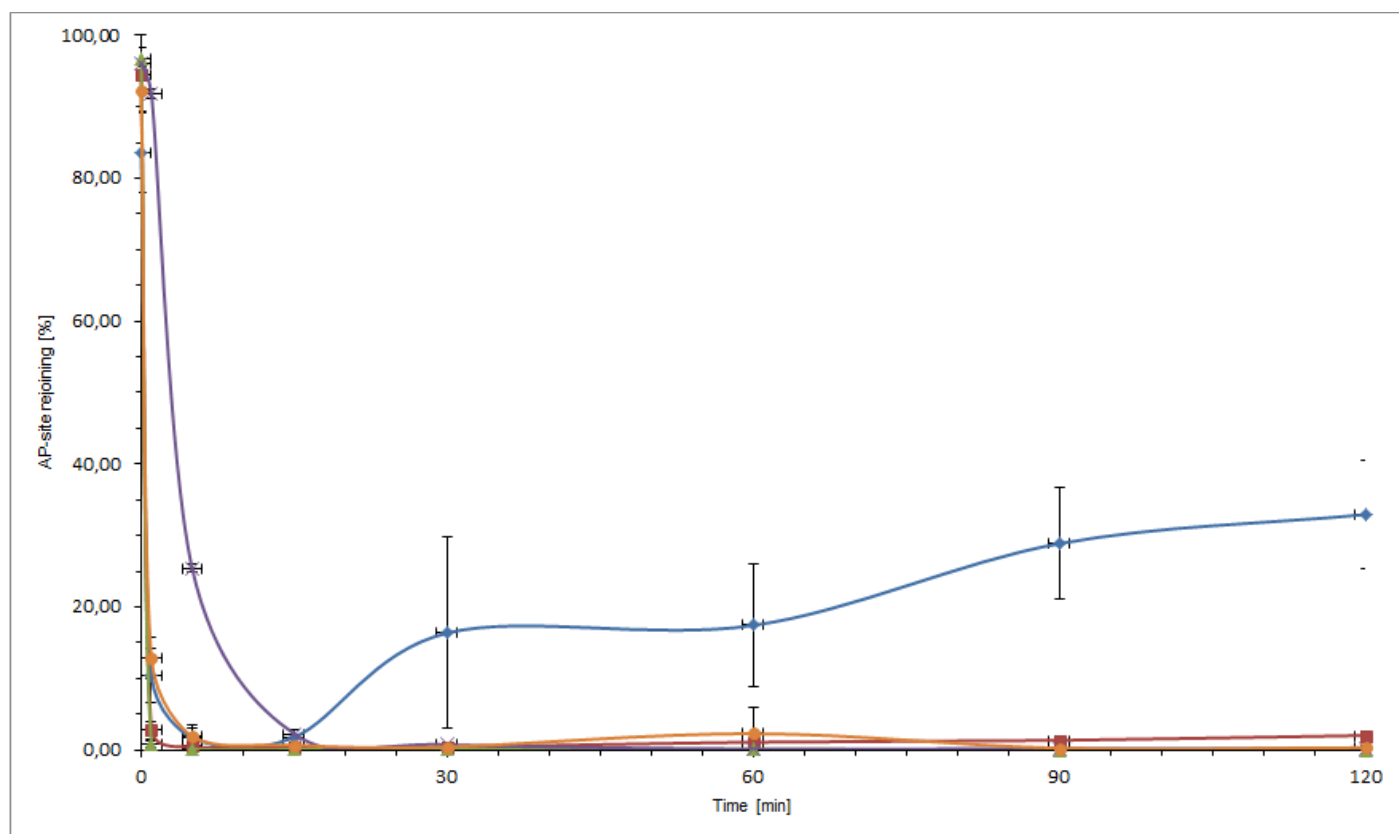
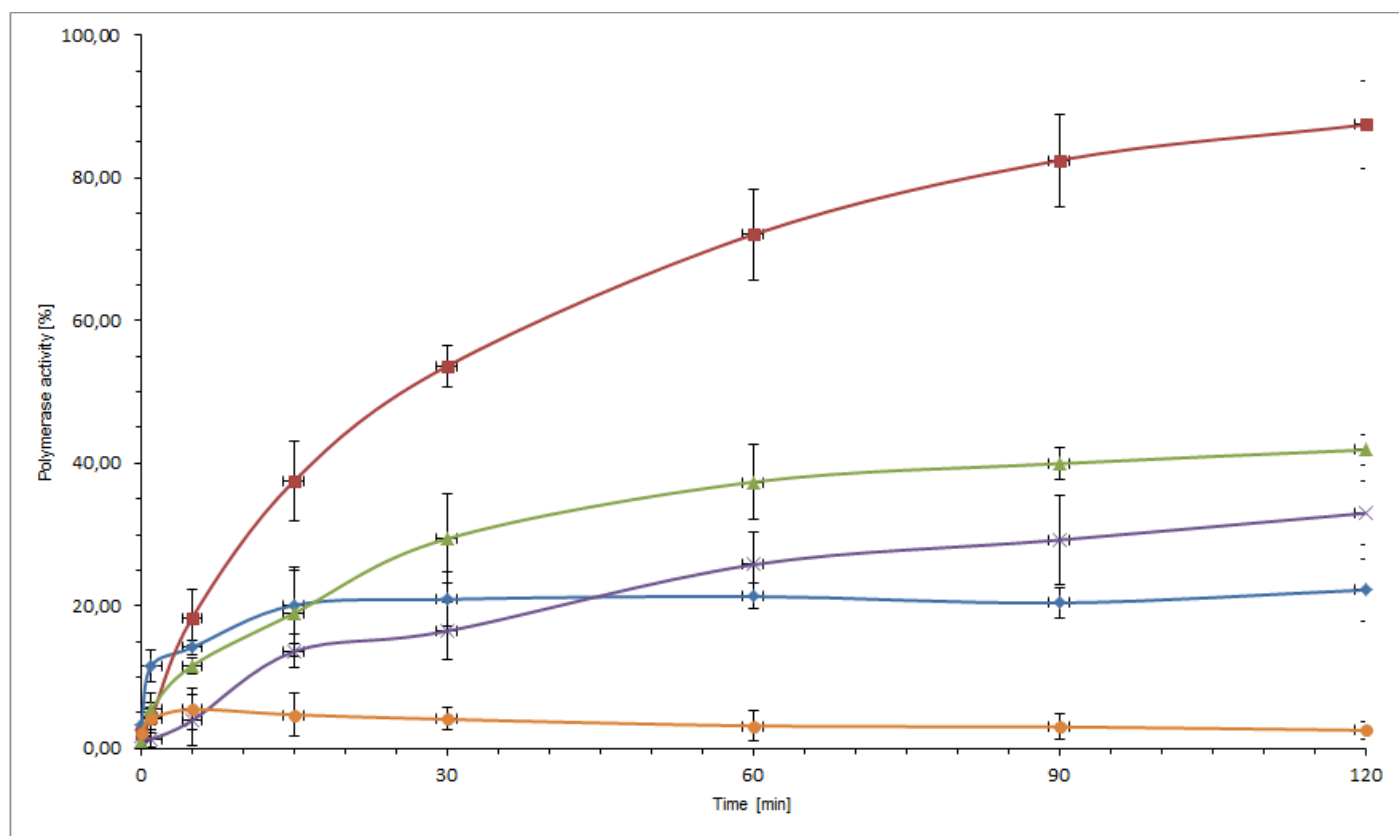


Figure S4. The autoradiograms presenting repair of (A) ss-CDL and (B) ds-CDL containing **RcdA** – XPC Nuclear Extract. Lanes correspond with different assay time: lane 1 - 0 min; lane 2 - 1 min; lane 3 - 5 min; lane 4 - 15 min; lane 5 - 30 min; lane 6 - 60 min; lane 7 - 90 min; lane 8 - 120 min. Three replications of the experiment are shown.

A.

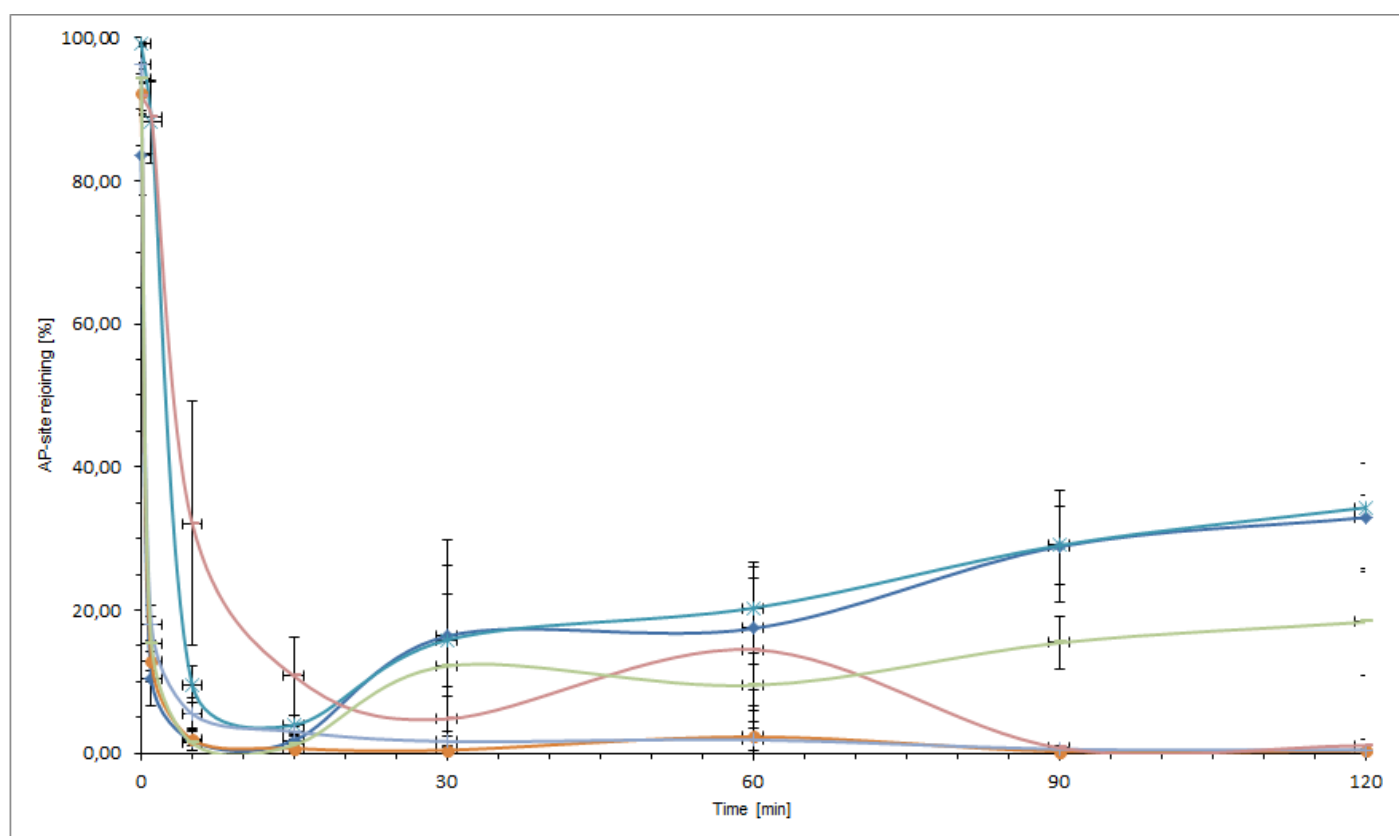
- Control 1
- dU-5
- dU-5/+5
- dU+5
- dU0





B.

- Control 1
- dU-1
- dU 0
- dU +1
- dU +4
- dU -4



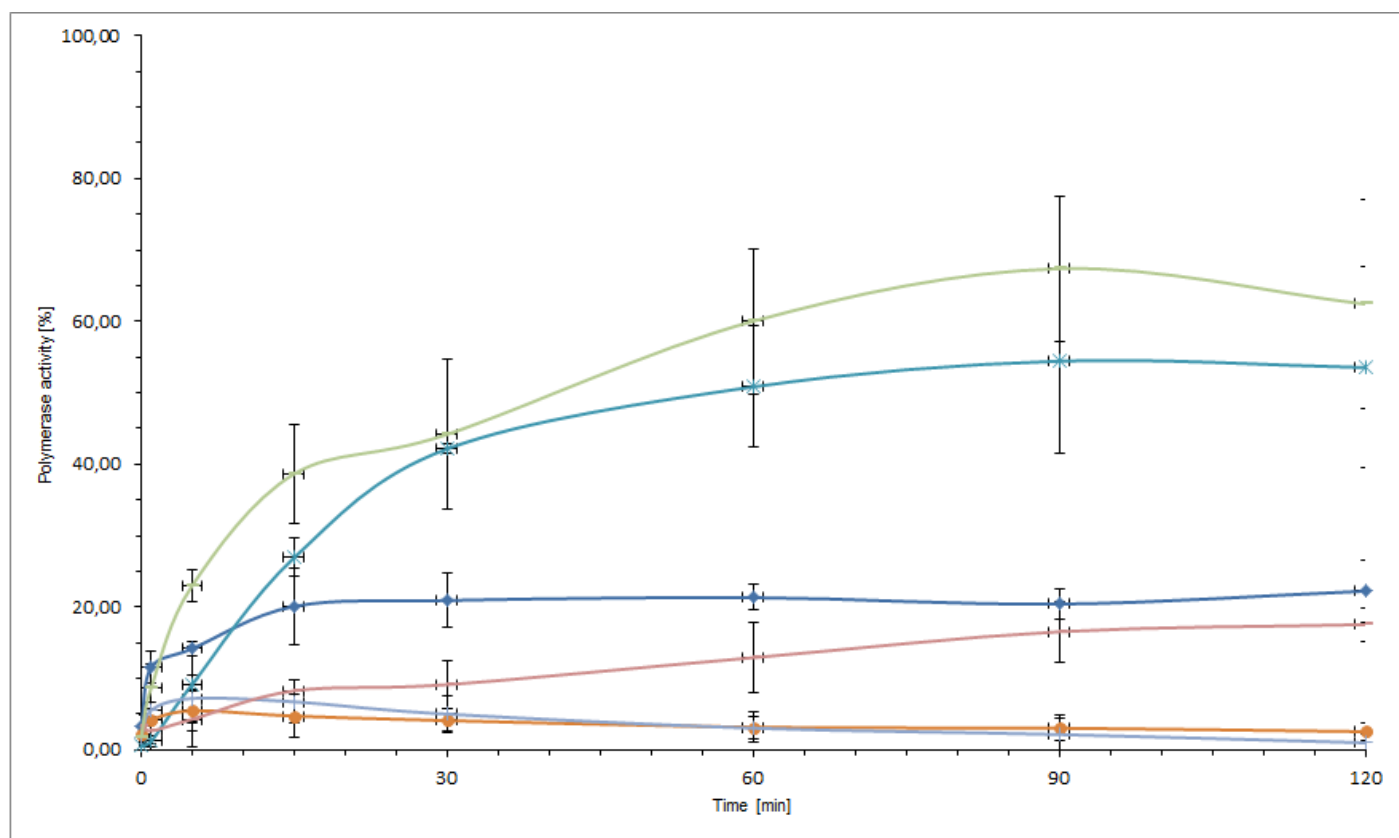
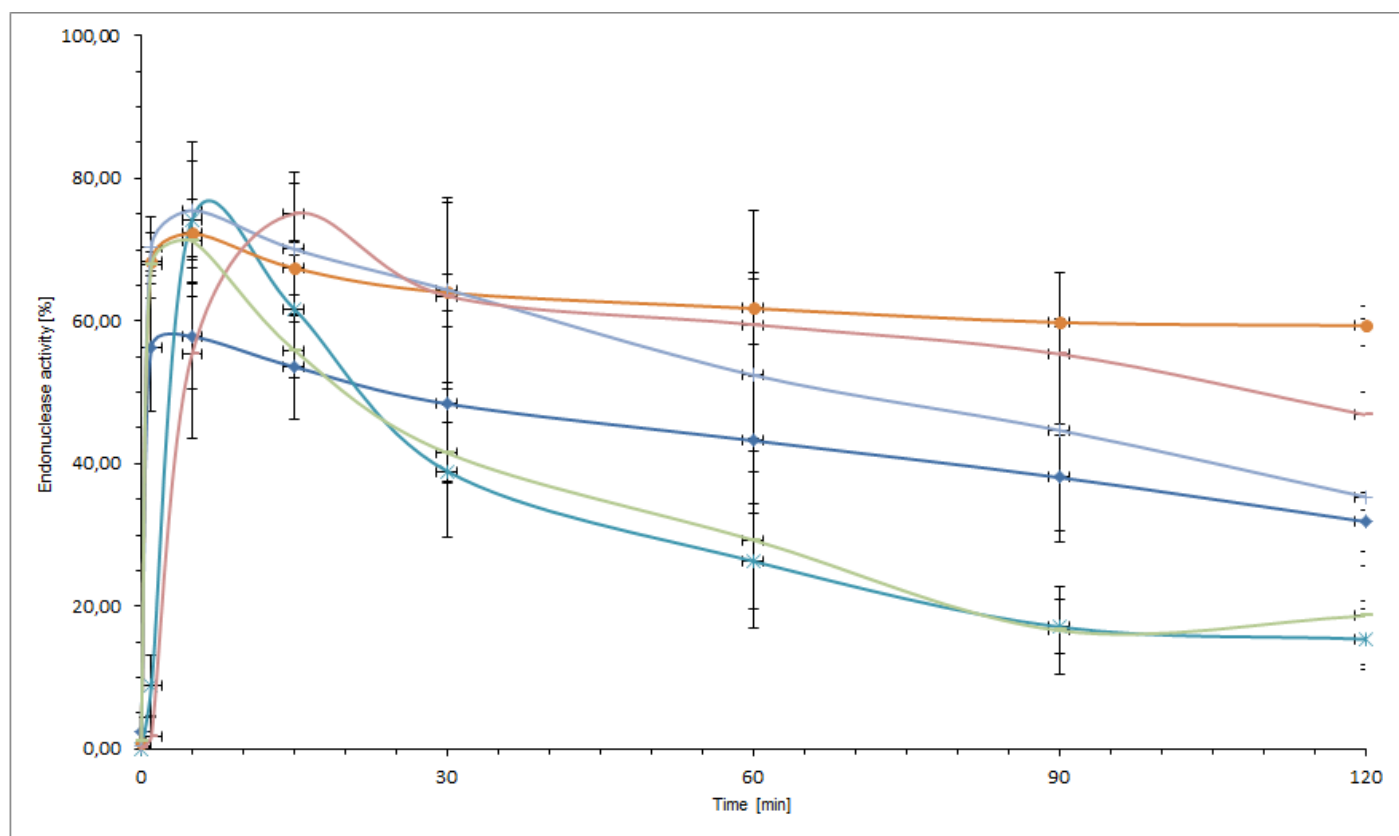


Figure S5. Graphical representation of DNA repair assays' results for **ScdA** – XPC Nuclear Extract. **(A)** ss-CDL, **(B)** ds-CDL

Table S2. Raw numerical data – Control 1 – XPC Nuclear Extract. * rejected values

		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	AP site rejoining [%]							
Control 1	1.	85,02	5,49	1,23	1,20	3,40	8,83	16,75	21,67
	2.	75,90	13,68	4,06	3,27	4,23	9,54	12,94*	17,60*
	3.	67,09*	28,76*	12,53*	12,43*	28,18	23,19	30,46	29,81
	4.	85,96	12,80	1,41	2,18	32,51	29,20	35,99	39,58
	5.	80,66	13,17	1,19	1,55	13,60	22,32	35,02	40,21
	6.	90,74	7,04	0,64	0,82	2,36*	11,54	26,22	33,53
	Avg	83,65	10,44	1,70	1,80	16,39	17,44	28,89	32,96
	SD	5,62	3,86	1,35	0,96	13,45	8,56	7,83	7,65

		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Endonuclease activity [%]							
Control 1	1.	1,40	60,30	60,14	56,12	53,75	46,34	40,28	31,91
	2.	5,75	55,95	59,50	57,26	57,07	48,12	45,53	36,20
	3.	16,12*	24,92*	27,83*	27,65*	22,10*	24,66*	20,69*	20,99*
	4.	0,49	53,91	54,84	48,48	36,20	33,51	30,23	26,88
	5.	2,83	43,46	47,43	43,79	37,20	34,31	29,93	28,78
	6.	1,32	67,99	67,25	62,24	57,81	53,91	44,39	35,66
	Avg	2,36	56,32	57,83	53,58	48,40	43,24	38,07	31,89
	SD	2,07	8,99	7,31	7,36	10,80	8,97	7,56	4,11

		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Polymerase activity [%]							
Control 1	1.	5,64	12,47	13,04	16,47	18,49	22,57	21,81	27,80
	2.	3,42	12,35	12,88	13,84	15,81	19,40	23,31	25,67
	3.	11,20*	10,08	14,43	16,34	20,69	21,62	18,14	18,68
	4.	1,64	7,96	14,65	26,20	19,81	20,89	19,65	20,47
	5.	4,15	13,46	15,43	26,03	26,21	23,97	18,93	19,70
	6.	1,86	13,40	14,67	21,74	24,59	19,60	18,47	17,57
	Avg	3,34	11,62	14,18	20,11	20,93	21,34	20,44	22,24
	SD	1,66	2,17	1,01	5,32	3,87	1,76	2,06	4,30

Table S3. Raw numerical data – ScdA – XPC Nuclear Extract.

ScdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	AP site rejoining [%]							
dU0	1.	91,10	11,48	0,71	0,26	0,15	0,10	0,02	0,09
	2.	95,97	10,96	1,25	0,59	0,36	0,27	0,29	0,50
	3.	89,98	16,10	3,75	1,18	0,81	6,51	0,44	0,43
	Avg	92,35	12,85	1,90	0,68	0,44	2,29	0,25	0,34
	SD	3,19	2,83	1,62	0,46	0,34	3,65	0,21	0,22
dU-5	1.	93,19	2,40	0,17	0,12	0,20	1,12	0,98	1,38
	2.	97,13	1,86	0,45	0,25	0,40	1,22	1,95	2,36
	3.	92,90	4,18	0,89	0,61	0,63	0,94	1,14	2,39
	Avg	94,41	2,81	0,50	0,33	0,41	1,09	1,36	2,04
	SD	2,36	1,22	0,37	0,26	0,21	0,14	0,52	0,57
dU-5/+5	1.	99,78	0,37	0,01	0,01	0,11	0,37	0,00	0,00
	2.	97,30	0,90	0,03	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00
	3.	93,33	1,25	0,29	0,11	0,09	0,03	0,02	0,03
	Avg	96,80	0,84	0,11	0,04	0,07	0,14	0,01	0,01
	SD	3,25	0,44	0,16	0,06	0,06	0,21	0,01	0,02
dU+5	1.	96,77	91,42	24,99	1,99	0,39	0,08	0,05	0,04
	2.	97,78	92,53	54,80*	2,81	1,15	0,19	0,12	0,12
	3.	93,82	91,54	25,79	1,98	0,71	13,04*	0,47	0,32
	Avg	96,12	91,83	25,39	2,26	0,75	0,13	0,21	0,16
	SD	2,06	0,61	0,56	0,48	0,39	0,07	0,22	0,14
dU-1	1.	99,26	81,66	7,73	5,17	11,25	24,78	32,89	35,50
	2.	99,17	91,42	12,52	2,55	2,60*	4,39*	7,15*	4,69*
	3.	98,95	91,41	8,58	4,16	20,43	15,82	25,23	33,18
	Avg	99,13	88,16	9,61	3,96	15,84	20,30	29,06	34,34
	SD	0,16	5,63	2,56	1,32	6,49	6,34	5,42	1,64
dU-4	1.	93,89	19,34	1,83	2,12	22,16	7,47	18,05	12,98
	2.	92,13	14,55	1,07	0,47	0,67*	2,10*	2,63*	3,50*
	3.	96,59	12,05	1,22	0,89	2,23	11,50	12,82	23,69
	Avg	94,20	15,31	1,38	1,16	12,20	9,49	15,43	18,33
	SD	2,25	3,70	0,40	0,86	14,10	2,85	3,69	7,57
dU+1	1.	99,21	16,28	4,00	2,46	1,56	1,07	0,63	0,51
	2.	94,67	21,02	8,11	2,92	1,10	3,68	0,36	0,29
	3.	95,00	16,50	4,39	3,65	2,32	0,92	0,72	0,57
	Avg	96,29	17,93	5,50	3,01	1,66	1,89	0,57	0,46
	SD	2,53	2,67	2,26	0,60	0,62	1,55	0,19	0,15
dU+4	1.	91,29	83,09	20,01	8,90	2,55	19,29	0,77	0,78
	2.	90,16	91,06	44,23	16,83	7,05	2,99	0,94	2,02
	3.	93,75	92,78	93,79*	6,53	43,48*	21,18	0,57	0,46
	Avg	91,73	88,98	32,12	10,76	4,80	14,48	0,76	1,09
	SD	1,84	5,17	17,12	5,40	3,18	10,00	0,18	0,82

* rejected values

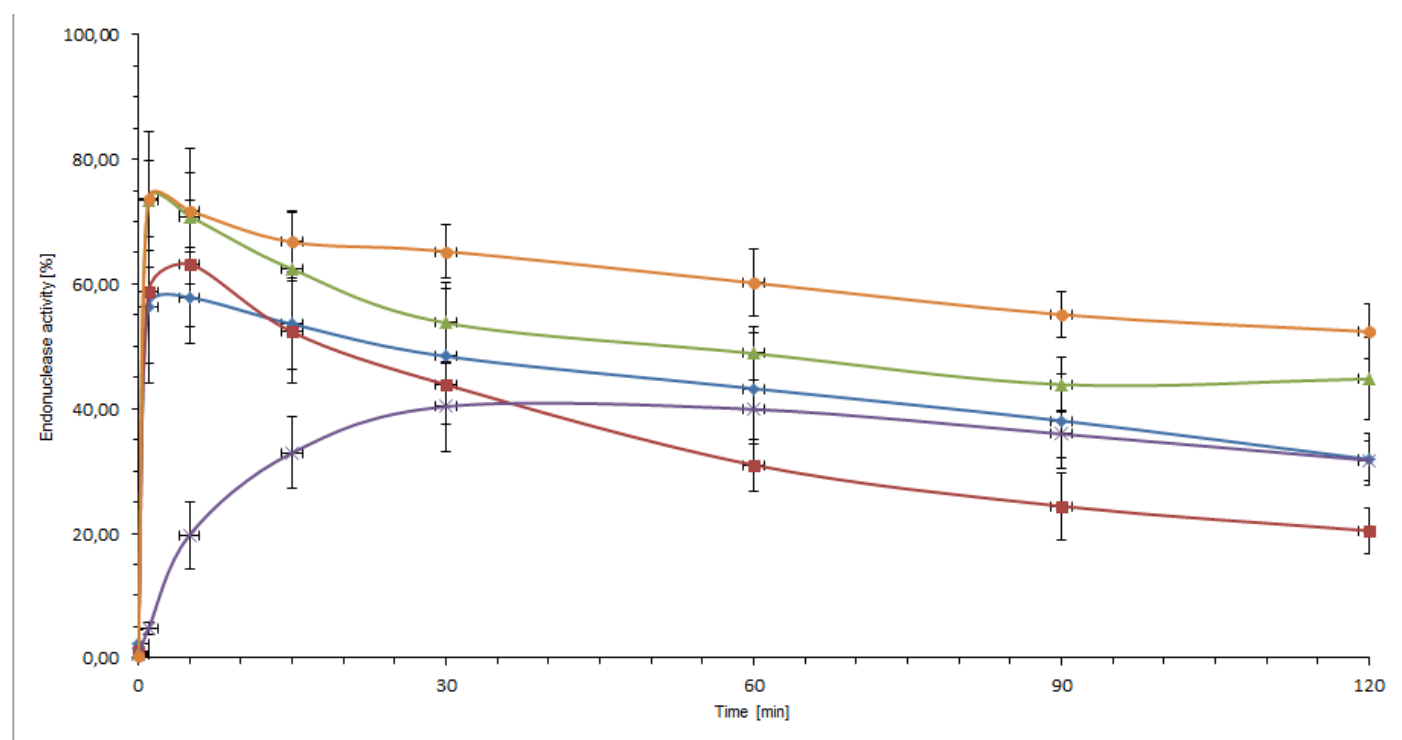
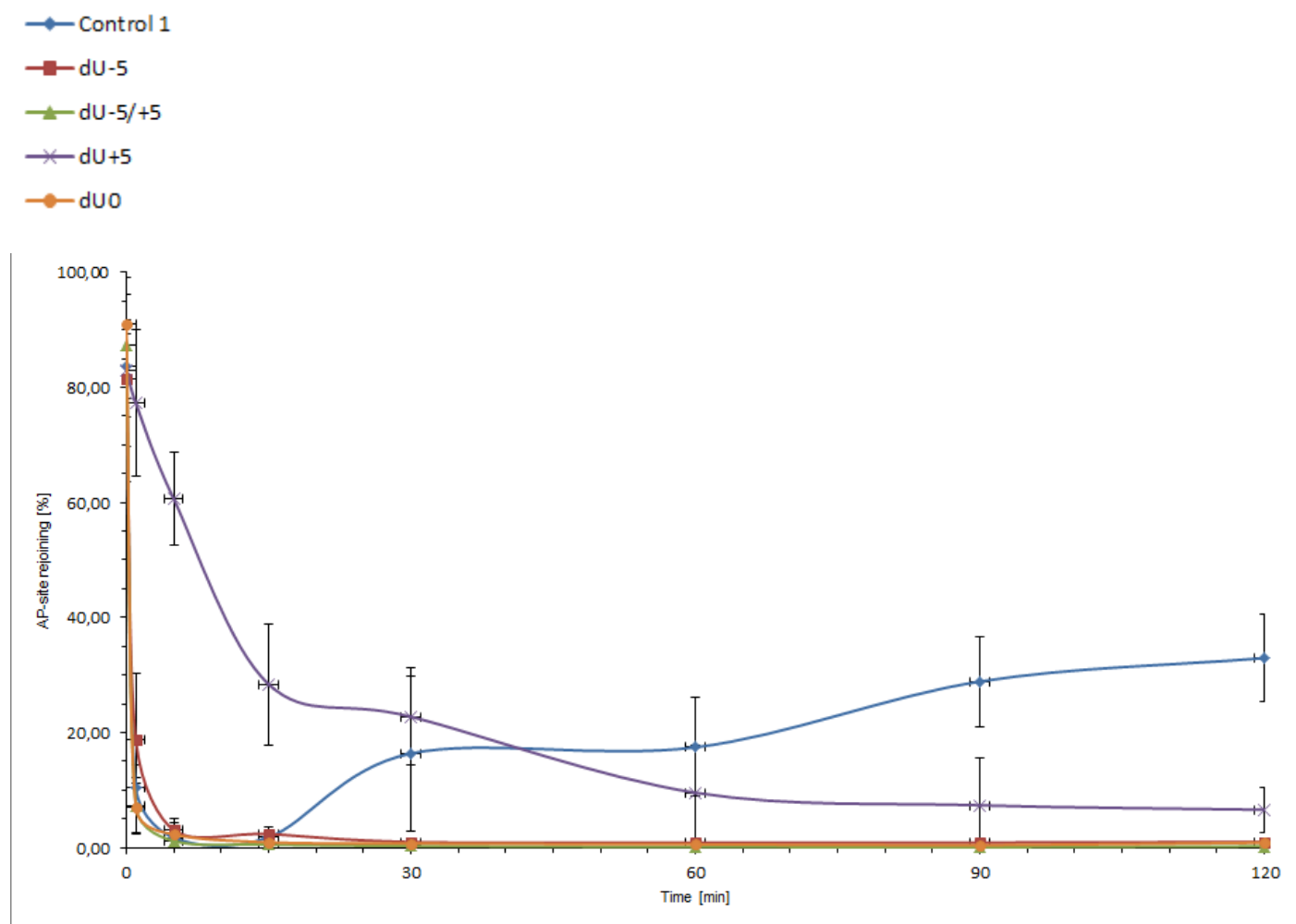
ScdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Endonuclease activity [%]							
dU0	1.	1,69	69,81	70,71	65,06	63,99	58,22	59,32	62,11
	2.	0,34	67,26	70,19	65,52	61,31	59,67	60,41	56,59
	3.	0,57	67,88	75,95	71,69	66,66	67,41	59,66	59,39
	Avg	0,87	68,31	72,28	67,43	63,98	61,77	59,80	59,36
	SD	0,72	1,33	3,19	3,70	2,67	4,94	0,56	2,76
dU-5	1.	0,00	92,32	79,89	59,01	43,35	20,68	11,31	4,84
	2.	0,00	90,44	75,63	55,58	42,37	23,49	11,32	8,05
	3.	0,55	86,57	80,64	65,53	47,14	32,11	21,96	15,15
	Avg	0,18	89,78	78,72	60,04	44,29	25,42	14,86	9,35
	SD	0,32	2,93	2,70	5,05	2,52	5,96	6,15	5,28
dU-5/+5	1.	0,00	91,18	83,16	78,48	64,48	55,07	51,04	51,13
	2.	0,00	83,94	78,30	66,59	56,16	47,71	44,51	43,60
	3.	0,97	89,00	84,16	79,47	71,18	62,71	58,11	53,68
	Avg	0,32	88,04	81,87	74,85	63,94	55,16	51,22	49,47
	SD	0,56	3,72	3,13	7,17	7,52	7,50	6,80	5,24
dU+5	1.	0,13	3,80	61,68	67,31	59,48	48,91	40,99	37,48
	2.	0,60	3,98	38,56	71,92	69,22	57,93	52,69	47,71
	3.	0,42	2,20	64,60	81,39	75,82	50,83	54,11	52,58
	Avg	0,38	3,33	54,95	73,54	68,17	52,56	49,26	45,93
	SD	0,24	0,98	14,26	7,18	8,22	4,75	7,20	7,70
dU-1	1.	0,00	13,78	61,83	50,66	34,87	22,83	16,78	14,98
	2.	0,02	6,69	79,82	67,52	49,63	34,02	21,06	19,84
	3.	0,01	6,10	81,07	66,91	32,35	22,13	13,52	11,38
	Avg	0,01	8,86	74,24	61,69	38,95	26,33	17,12	15,40
	SD	0,01	4,27	10,76	9,56	9,34	6,67	3,78	4,25
dU-4	1.	0,59	66,92	66,70	58,76	38,46	38,12	21,03	13,76
	2.	1,87	63,80	77,73	76,35*	80,49*	83,75*	87,40*	83,36*
	3.	0,84	72,68	69,25	53,11	44,54	20,49	12,19	23,62
	Avg	1,10	67,80	71,23	55,94	41,50	29,30	16,61	18,69
	SD	0,68	4,50	5,78	4,00	4,31	12,46	6,25	6,97
dU+1	1.	0,00	70,90	70,60	60,77	52,78	39,42	29,72	20,11
	2.	0,70	66,03	72,46	70,06	62,03	51,42	43,47	36,64
	3.	0,49	74,22	83,50	79,39	78,38	66,44	60,85	49,31
	Avg	0,40	70,38	75,52	70,07	64,40	52,42	44,68	35,35
	SD	0,36	4,12	6,97	9,31	12,96	13,54	15,60	14,64
dU+4	1.	0,00	4,80	63,94	70,13	67,13	41,34	42,17	31,31
	2.	0,11	0,32	46,98	73,55	74,46	71,56	61,56	54,29
	3.	0,25	0,34	0,58*	81,47	49,00	65,61	62,43	54,97
	Avg	0,12	1,82	55,46	75,05	63,53	59,50	55,39	46,86
	SD	0,13	2,58	11,99	5,82	13,11	16,01	11,45	13,47

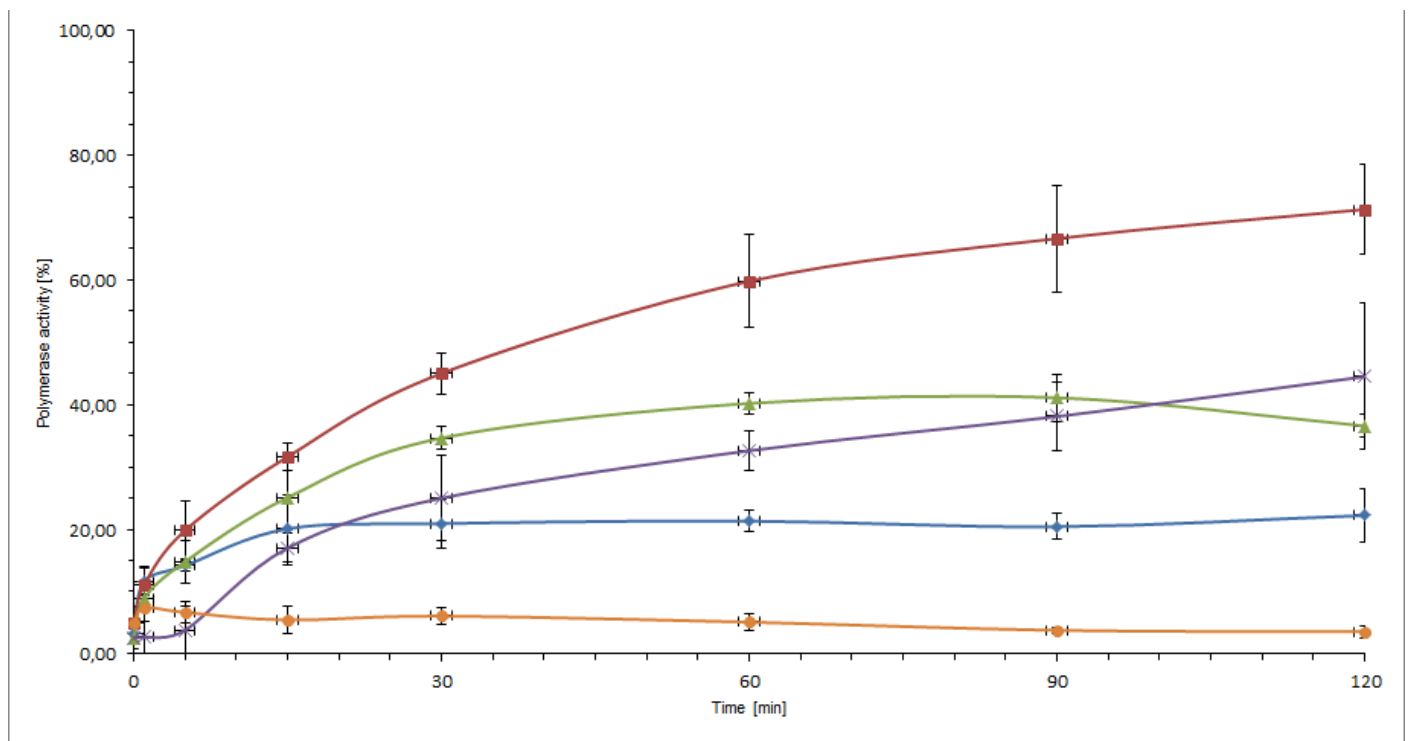
* rejected values

ScdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Polymerase activity [%]							
dU0	1.	2,86	4,69	6,16	4,23	3,69	3,03	2,09	1,93
	2.	0,94	2,45	2,27	2,14	2,80	1,22	2,02	1,74
	3.	2,84	5,40	8,06	7,92	5,87	5,35	5,06	4,05
	Avg	2,22	4,18	5,50	4,77	4,12	3,20	3,06	2,57
	SD	1,10	1,54	2,95	2,92	1,58	2,07	1,74	1,28
dU-5	1.	1,91	2,17	17,21	38,97	54,40	77,25	86,81	92,91
	2.	1,06	4,42	22,64	42,33	56,12	73,95	85,60	88,80
	3.	3,56	6,46	15,17	31,35	50,36	65,01	75,05	80,71
	Avg	2,18	4,35	18,34	37,55	53,63	72,07	82,49	87,47
	SD	1,27	2,15	3,86	5,62	2,96	6,33	6,47	6,21
dU-5/+5	1.	0,21	4,50	12,19	18,27	29,95	38,26	37,86	39,43
	2.	0,52	8,01	12,36	25,43	35,44	42,11	42,41	43,60
	3.	2,56	4,08	10,31	13,28	22,91	31,77	39,59	42,62
	Avg	1,10	5,53	11,62	18,99	29,43	37,38	39,95	41,88
	SD	1,27	2,16	1,14	6,10	6,28	5,23	2,30	2,18
dU+5	1.	2,35	1,78	6,90	15,57	21,01	27,84	32,89	36,18
	2.	0,00	0,00	0,00	14,30	13,79	20,44	22,02	28,02
	3.	2,62	2,31	4,93	11,01	14,67	29,08	32,84	34,86
	Avg	1,66	1,36	3,95	13,63	16,49	25,79	29,25	33,02
	SD	1,44	1,21	3,55	2,35	3,94	4,67	6,26	4,38
dU-1	1.	0,74	2,14	15,29	29,92	41,56	41,04	40,96	41,42
	2.	0,54	0,84	5,55	26,08	42,80	55,81	66,70	69,01
	3.	0,37	0,79	6,71	24,80	42,14	55,69	55,69	50,18
	Avg	0,55	1,26	9,18	26,93	42,17	50,85	54,45	53,54
	SD	0,18	0,76	5,32	2,67	0,62	8,49	12,91	14,10
dU-4	1.	1,48	6,42	21,47	33,76	36,81	52,85	60,23	72,82
	2.	5,41*	14,30*	7,69*	12,25*	11,92*	10,58*	6,91*	10,73*
	3.	2,18	11,14	24,56	43,55	51,57	67,24	74,57	52,04
	Avg	1,83	8,78	23,01	38,65	44,19	60,05	67,40	62,43
	SD	0,50	3,33	2,19	6,93	10,44	10,17	10,14	14,69
dU+1	1.	0,79	5,43	7,41	5,57	3,09	1,39	0,27	0,00
	2.	1,78	6,69	10,28	10,12	7,93	4,49	4,52	2,33
	3.	2,72	4,65	3,97	4,54	4,05	3,30	1,72	0,68
	Avg	1,76	5,59	7,22	6,74	5,02	3,06	2,17	1,00
	SD	0,96	1,03	3,16	2,97	2,56	1,56	2,16	1,20
dU+4	1.	4,76	4,40	8,89	9,14	12,63	18,43	21,32	20,13
	2.	1,66	0,93	2,52	6,49	8,80	11,54	15,15	17,18
	3.	3,61	2,72	1,53	9,25	6,08	8,81	13,22	15,41
	Avg	3,34	2,68	4,31	8,29	9,17	12,93	16,56	17,57
	SD	1,57	1,73	3,99	1,56	3,29	4,96	4,23	2,38

* rejected values

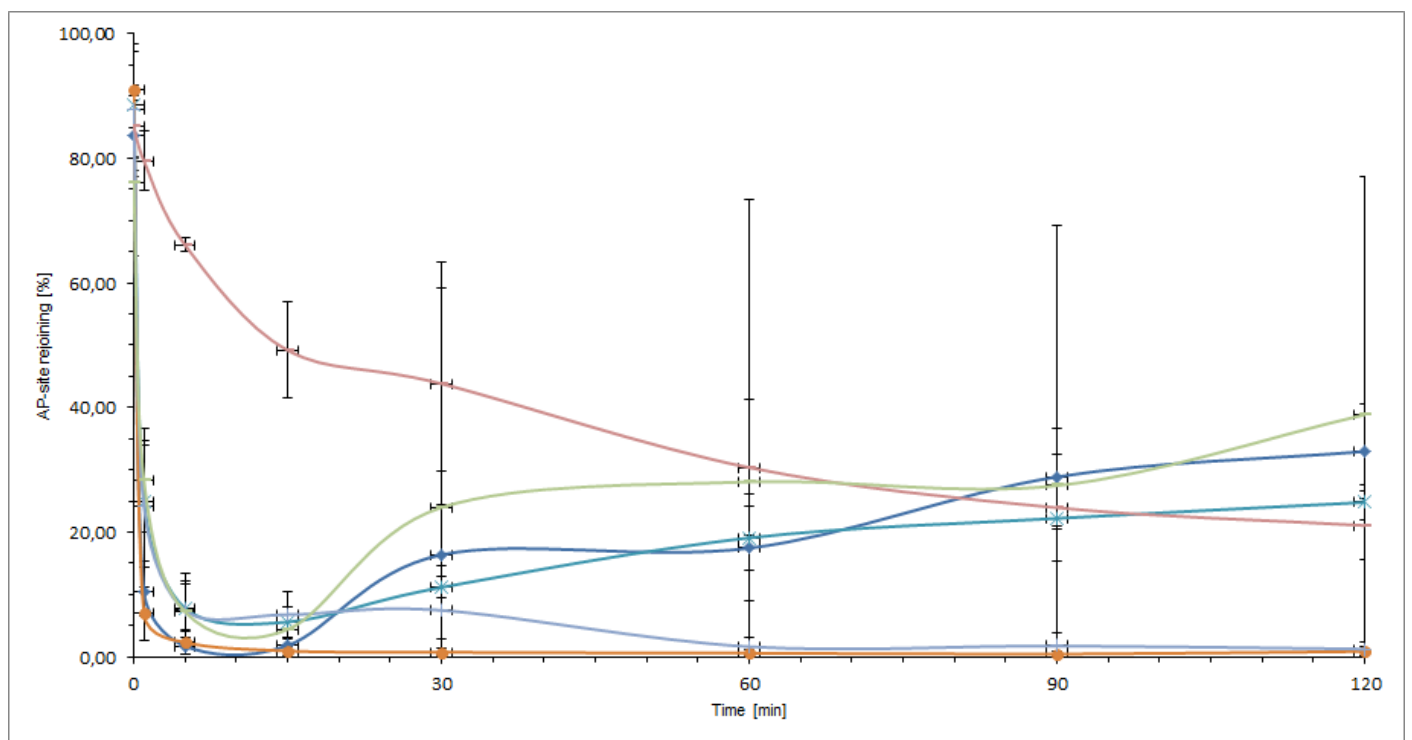
A.





B.

- Control 1
- dU-1
- dU 0
- dU +1
- dU +4
- dU -4



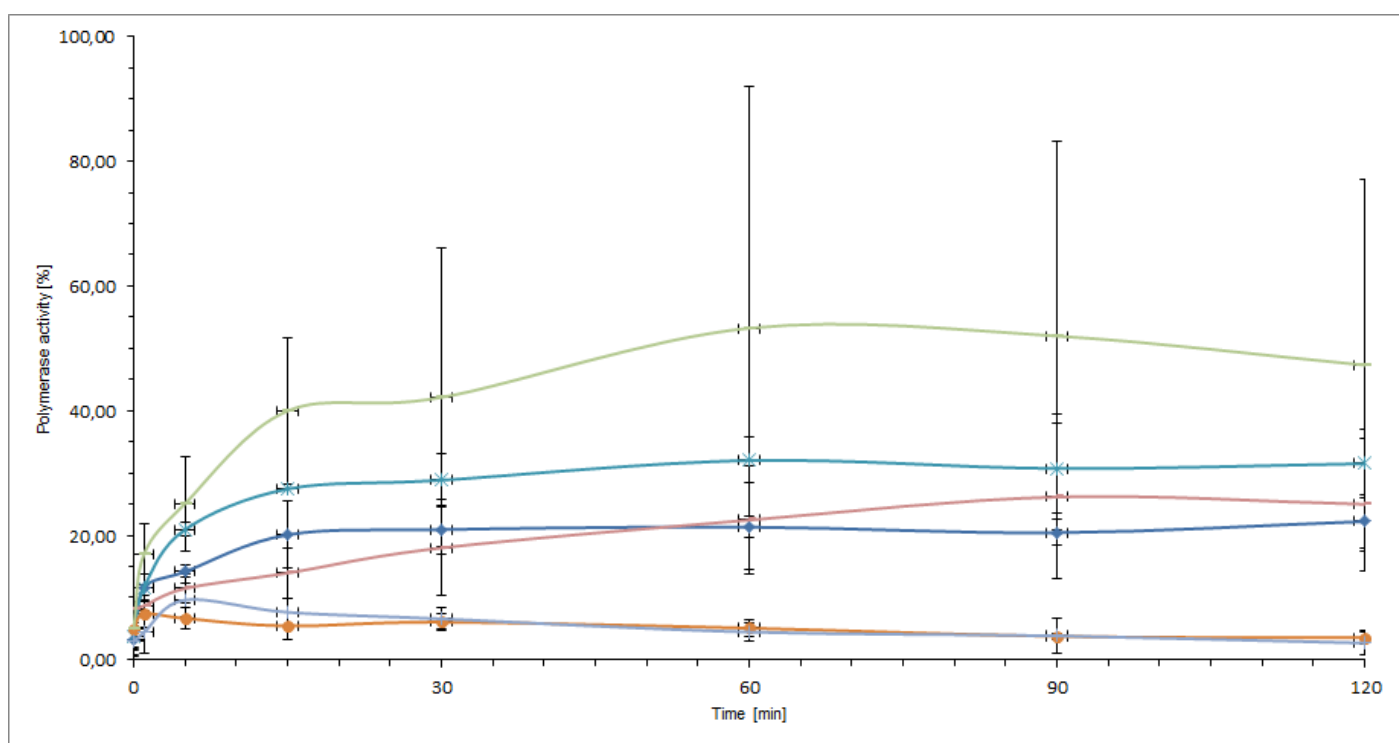
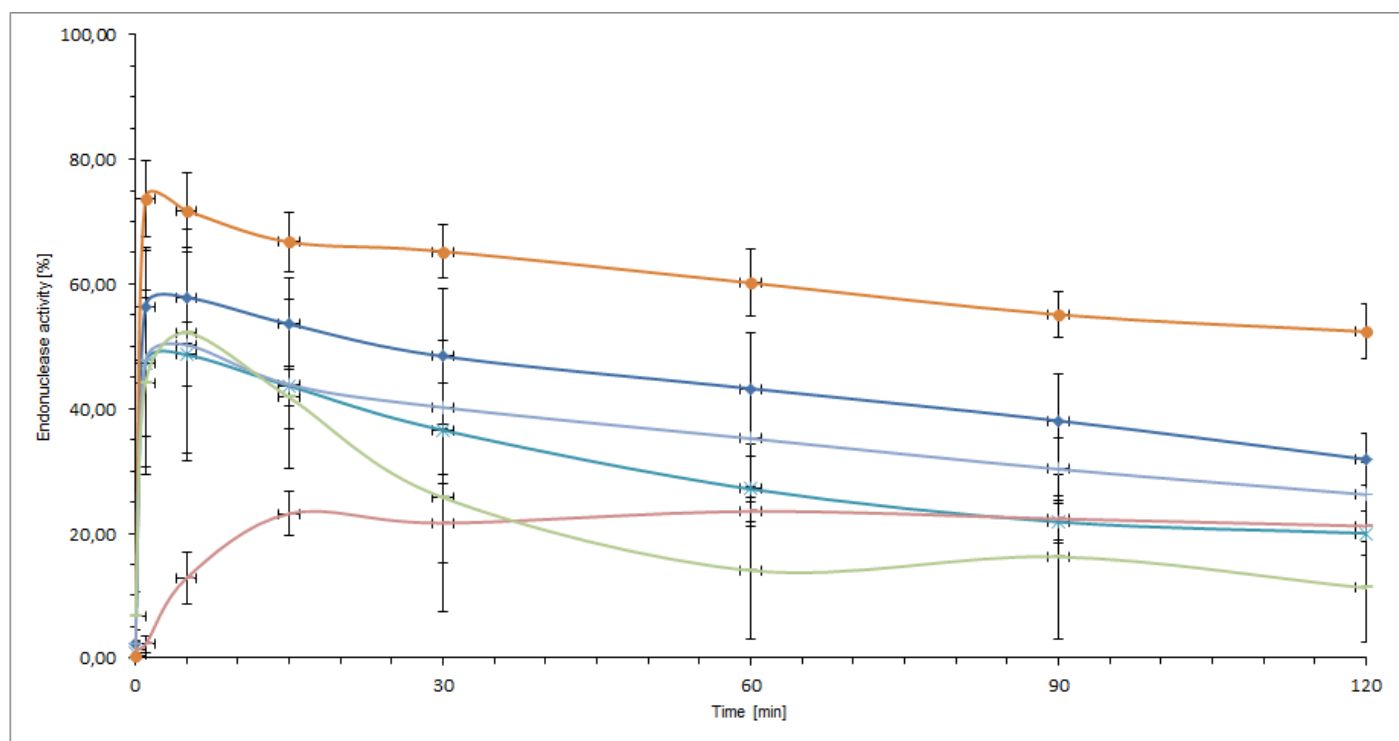


Figure S6. Graphical representation of DNA repair assays' results for **RcdA** – XPC Nuclear Extract. **(A)** ss-CDL, **(B)** ds-CDL

Table S3. Raw numerical data – RcdA – XPC Nuclear Extract.

RcdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	AP site rejoining [%]							
dU0	1.	90,46	2,40	0,22	0,06	0,10	0,07	0,01	0,00
	2.	91,61	7,20	4,09	1,48	1,13	1,07	0,61	1,32
	3.	57,24*	11,12	2,71	1,27	0,92	0,61	0,65	1,28
	Avg	91,03	6,91	2,34	0,94	0,72	0,58	0,43	0,87
	SD	0,82	4,37	1,96	0,77	0,54	0,50	0,36	0,75
dU-5	1.	95,64	5,41	0,84	3,73	0,31	0,18	0,25	0,38
	2.	86,97	26,63	3,75	1,77	1,36	1,36	1,48	1,07
	3.	61,41	23,93	4,62	1,61	1,29	1,03	0,89	1,54
	Avg	81,34	18,66	3,07	2,37	0,99	0,86	0,88	1,00
	SD	17,79	11,55	1,98	1,18	0,59	0,61	0,62	0,59
dU-5/+5	1.	96,92	1,55	0,29	0,13	0,09	0,03	0,00	0,00
	2.	92,17	9,35	1,20	0,32	0,10	0,00	0,00	0,00
	3.	73,08	10,67	2,00	1,16	0,65	0,30	0,20	0,72
	Avg	87,39	7,19	1,16	0,54	0,28	0,11	0,07	0,24
	SD	12,62	4,93	0,86	0,54	0,32	0,16	0,12	0,41
dU+5	1.	91,50	84,53	61,14	17,02	20,31	3,31	1,50	2,10
	2.	89,52	84,62	68,32	37,78	32,23	19,00	16,83	9,44
	3.	67,79	62,65	52,32	30,40	15,76	6,33	3,78	8,25
	Avg	82,94	77,27	60,59	28,40	22,76	9,55	7,37	6,59
	SD	13,15	12,66	8,02	10,52	8,51	8,32	8,27	3,94
dU-1	1.	93,82	18,07	5,14	3,86	9,95	19,03	21,66	23,33
	2.	78,70	31,75	10,46	7,31	12,33	13,96	24,12	22,97
	3.	93,02	85,84*	83,67*	83,29*	18,14*	24,30	20,85	28,04
	Avg	88,51	24,91	7,80	5,59	11,14	19,10	22,21	24,78
	SD	8,51	9,68	3,76	2,44	1,68	5,17	1,70	2,83
dU-4	1.	86,26	21,79	2,70	1,10	0,87	0,55	0,63	25,06
	2.	63,23	37,63	12,47	8,23	6,67	3,33	6,16	9,49
	3.	78,57	25,59	6,40	3,87	64,40	80,35	75,64	82,05
	Avg	76,02	28,33	7,19	4,40	23,98	28,08	27,48	38,87
	SD	11,72	8,27	4,93	3,59	35,12	45,29	41,80	38,20
dU+1	1.	94,84	18,21	3,10	10,42	15,46	0,46	0,00	0,00
	2.	75,44	35,50	14,07	6,99	4,82	3,11	4,18	2,42
	3.	93,02	18,60	5,14	2,90	2,11	1,31	1,07	1,32
	Avg	87,77	24,10	7,44	6,77	7,46	1,63	1,75	1,25
	SD	10,71	9,87	5,83	3,77	7,06	1,35	2,17	1,21
dU+4	1.	88,54	82,99	66,92	54,68	57,64	38,07	29,94	24,99
	2.	47,44*	47,18*	40,37*	39,95*	33,47*	34,11*	30,39*	25,17*
	3.	81,76	76,16	65,29	43,72	30,02	22,67	17,91	17,14
	Avg	85,15	79,57	66,10	49,20	43,83	30,37	23,92	21,07
	SD	4,79	4,83	1,15	7,74	19,53	10,89	8,51	5,55

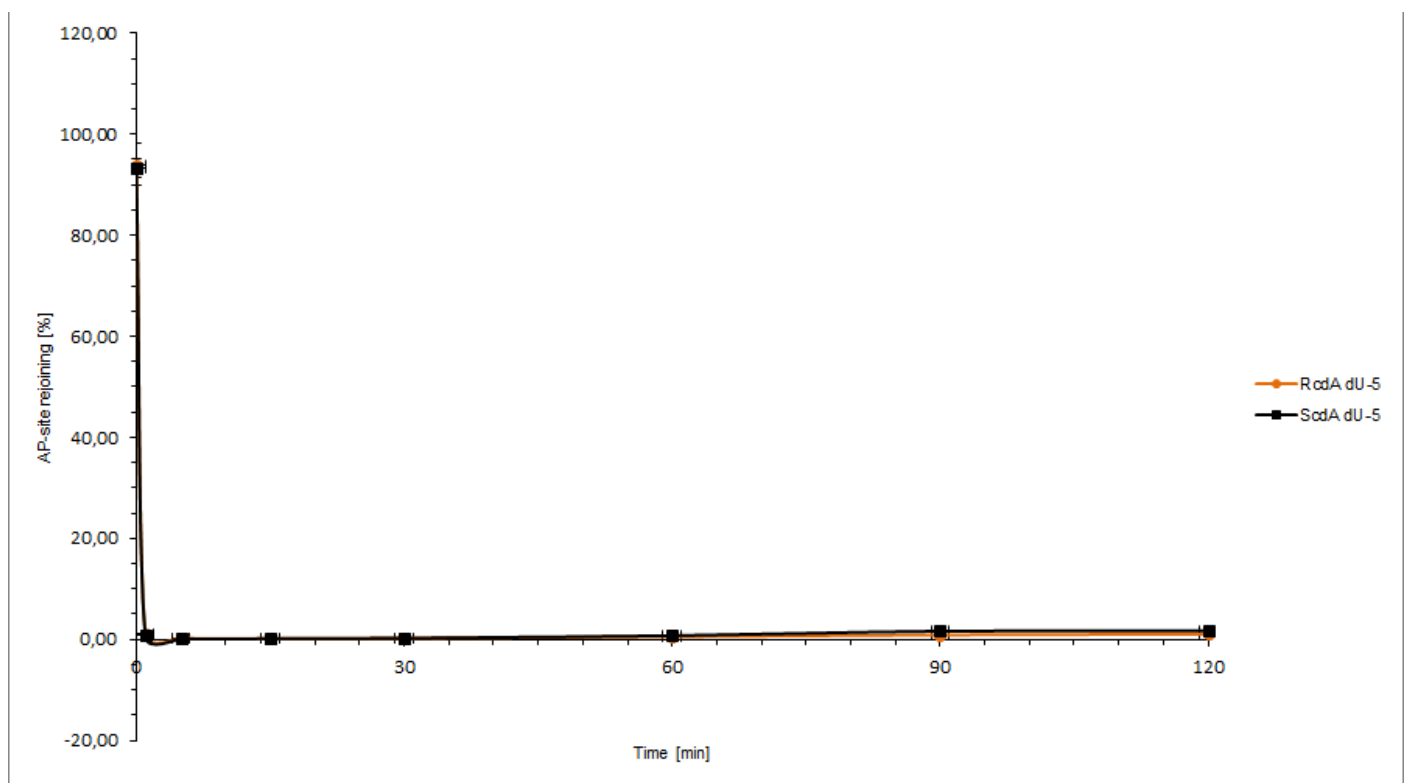
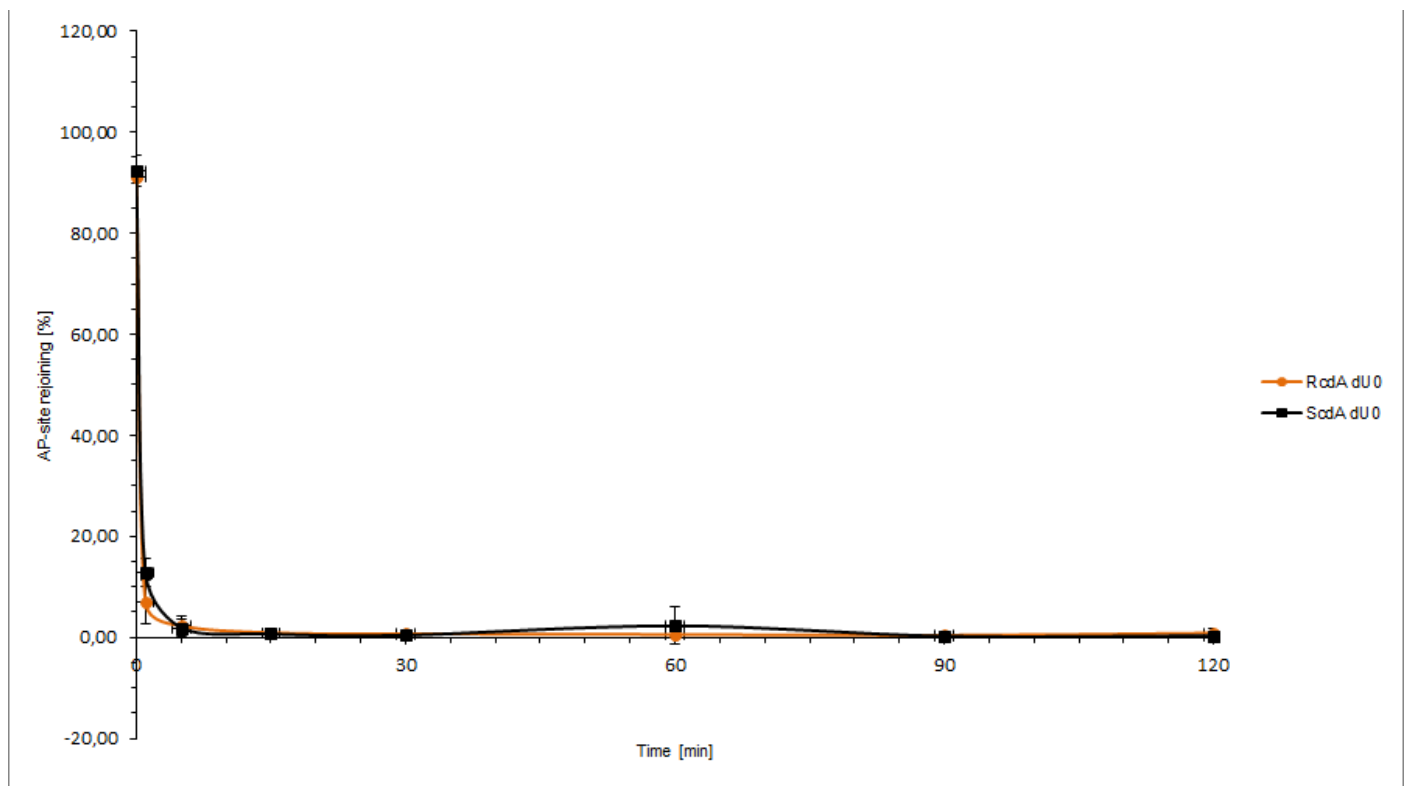
* rejected values

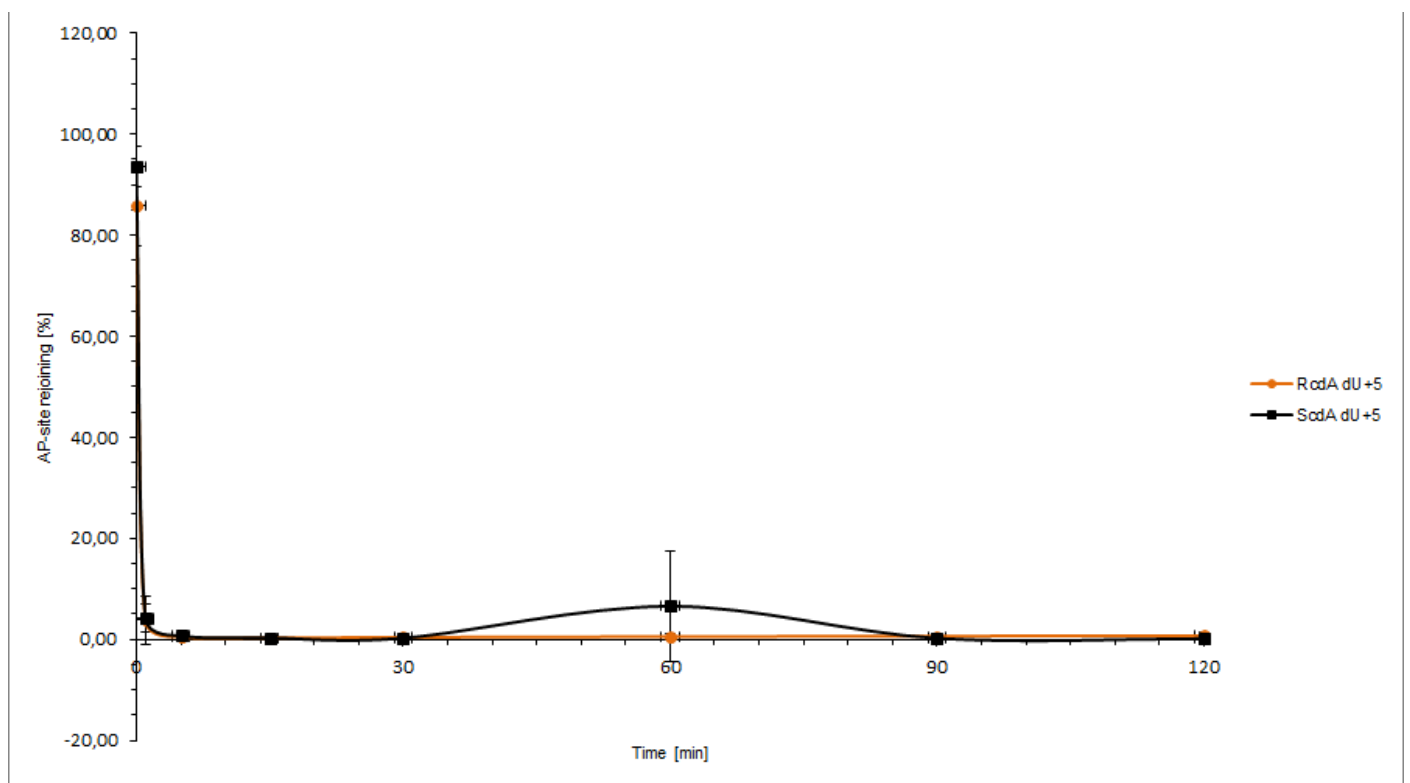
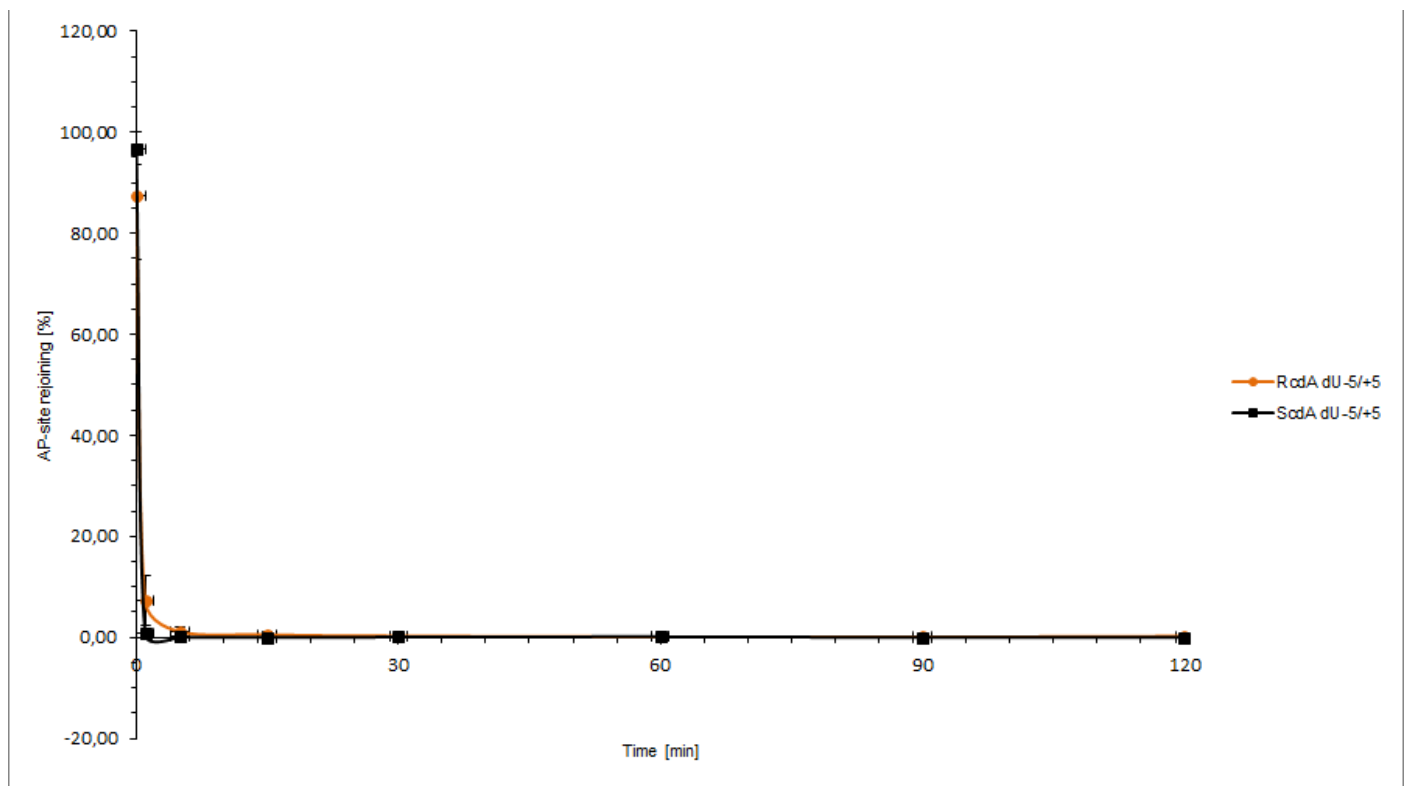
RcdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Endonuclease activity [%]							
dU0	1.	0,46	78,10	75,98	70,10	68,23	63,99	57,73	55,46
	2.	0,30	69,42	67,51	63,37	62,25	56,40	52,43	49,23
	3.	10,45*	53,09*	50,62*	47,04*	48,71*	41,07*	40,32*	37,28*
	Avg	0,38	73,76	71,75	66,74	65,24	60,20	55,08	52,35
	SD	0,11	6,14	5,99	4,76	4,23	5,37	3,75	4,40
dU-5	1.	0,18	74,22	69,05	54,72	44,15	26,51	21,04	17,72
	2.	0,38	56,53	69,04	59,01	47,04	31,79	21,49	19,00
	3.	2,66	45,42	51,55	43,21	40,38	34,64	30,58	24,54
	Avg	1,07	58,73	63,21	52,31	43,86	30,98	24,37	20,42
	SD	1,38	14,52	10,10	8,17	3,34	4,12	5,39	3,62
dU-5/+5	1.	0,00	85,65	80,49	70,63	59,46	49,93	48,43	52,25
	2.	0,22	70,49	72,88	64,33	55,01	52,41	43,56	42,26
	3.	2,23	64,37	59,21	52,21	46,79	44,25	39,63	39,85
	Avg	0,81	73,51	70,86	62,39	53,75	48,87	43,87	44,79
	SD	1,23	10,96	10,78	9,36	6,43	4,18	4,41	6,58
dU+5	1.	0,27	4,69	25,59	60,42*	48,47	49,74	40,30	32,43
	2.	1,26	5,59	18,66	37,03	37,44	34,19	33,49	34,48
	3.	0,23	3,75	14,92	28,81	35,12	35,78	34,04	28,22
	Avg	0,59	4,68	19,73	32,92	40,35	39,90	35,94	31,71
	SD	0,58	0,92	5,41	5,81	7,13	8,56	3,78	3,19
dU-1	1.	0,38	55,55	52,27	45,86	36,46	23,41	19,76	17,51
	2.	1,13	38,96	45,00	41,43	36,66	30,81	23,94	22,51
	3.	2,79*	5,54*	7,23*	7,96*	28,31*	25,75*	28,11*	26,09*
	Avg	0,76	47,25	48,64	43,65	36,56	27,11	21,85	20,01
	SD	0,53	11,73	5,15	3,13	0,14	5,23	2,96	3,54
dU-4	1.	2,30	59,88	73,14	45,12	35,82	23,04	28,12	11,23
	2.	9,03	37,70	48,11	44,30	36,75	17,24	18,52	19,92
	3.	8,79	35,02	35,29	36,10	4,65	1,89	2,08	2,58
	Avg	6,70	44,20	52,18	41,84	25,74	14,06	16,24	11,24
	SD	3,82	13,64	19,25	4,99	18,27	10,93	13,17	8,67
dU+1	1.	0,00	65,36	69,16	57,59	49,67	41,05	32,62	25,13
	2.	3,09	28,99	32,08	30,39	28,59	26,29	24,50	21,79
	3.	3,97	48,67	49,44	43,67	42,37	38,27	33,80	31,75
	Avg	2,35	47,67	50,23	43,88	40,21	35,21	30,31	26,22
	SD	2,09	18,21	18,55	13,60	10,71	7,84	5,06	5,07
dU+4	1.	0,00	0,60	14,59	25,28	14,46	25,96	26,59	23,41
	2.	1,45	3,23	15,89	18,97	24,29	21,44	21,05	21,56
	3.	2,33	2,71	7,98	25,23	26,23	23,15	19,33	18,53
	Avg	1,26	2,18	12,82	23,16	21,66	23,52	22,32	21,17
	SD	1,18	1,39	4,24	3,63	6,31	2,28	3,79	2,46

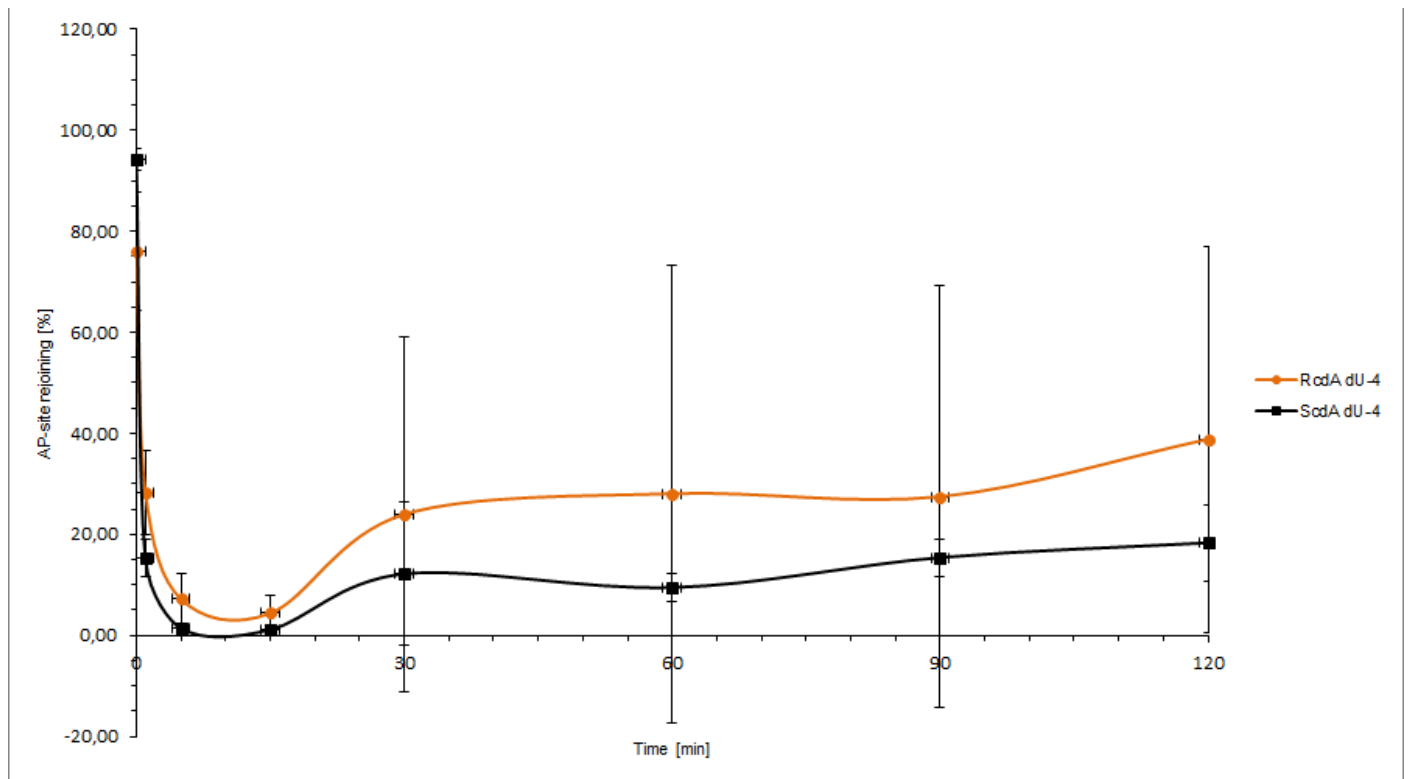
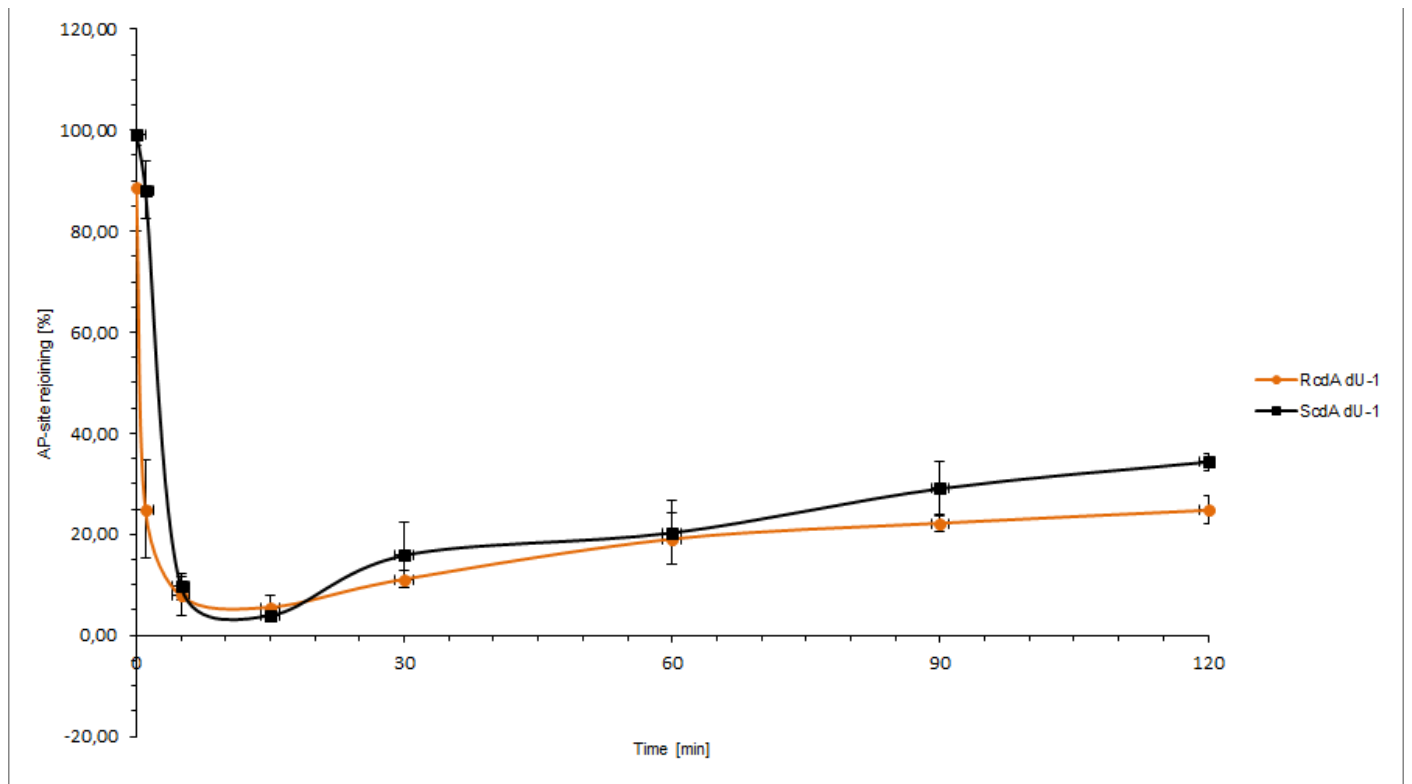
* rejected values

RcdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Polymerase activity [%]							
dU0	1.	3,01	9,72	8,05	7,93	7,71	6,57	4,16	3,62
	2.	3,63	7,06	4,79	4,76	5,63	5,13	3,98	4,50
	3.	8,04	5,45	7,27	3,74	4,92	3,68	3,28	2,61
	Avg	4,90	7,41	6,70	5,48	6,09	5,13	3,81	3,58
	SD	2,74	2,16	1,70	2,18	1,45	1,44	0,47	0,94
dU-5	1.	1,30	12,92	20,48	33,58	47,94	67,99	74,14	78,25
	2.	4,01	7,66	14,79	29,11	41,46	58,22	68,47	71,95
	3.	9,34	12,53	24,21	32,26	45,68	53,20	57,37	63,84
	Avg	4,88	11,04	19,83	31,65	45,03	59,80	66,66	71,35
	SD	4,09	2,93	4,74	2,29	3,29	7,52	8,53	7,22
dU-5/+5	1.	0,93	8,28	12,43	20,94	32,74	40,03	38,49	34,43
	2.	1,41	8,15	13,32	22,87	35,00	41,95	45,43	38,03
	3.	5,42	10,29	18,70	31,54	36,25	38,68	39,46	37,35
	Avg	2,59	8,91	14,82	25,12	34,67	40,22	41,13	36,60
	SD	2,46	1,20	3,40	5,65	1,78	1,64	3,76	1,91
dU+5	1.	2,18	2,84	3,96	14,84	23,51	31,18	43,89	57,15
	2.	0,06	0,00	0,00	16,05	19,06	30,34	32,80	34,03
	3.	5,66	5,21	7,54	20,15	32,45	36,36	37,66	42,37
	Avg	2,63	2,68	3,83	17,01	25,01	32,63	38,12	44,51
	SD	2,83	2,61	3,77	2,78	6,82	3,26	5,56	11,71
dU-1	1.	2,12	13,14	21,67	27,42	31,86	34,62	35,80	35,47
	2.	5,33	10,07	20,20	27,47	25,87	29,42	25,67	27,55
	3.	0,02*	0,00*	0,00*	0,00*	5,37*	4,52*	5,24*	3,06*
	Avg	3,72	11,61	20,94	27,45	28,87	32,02	30,74	31,51
	SD	2,27	2,17	1,04	0,03	4,23	3,68	7,16	5,60
dU-4	1.	8,01	11,91	17,45	51,61	61,44	74,80	70,50	62,23
	2.	0,08	17,21	32,67	40,24	49,60	76,35	69,52	66,68
	3.	7,07	21,82	25,21	28,07	15,40	8,62	15,92	13,05
	Avg	5,05	16,98	25,11	39,97	42,15	53,26	51,98	47,32
	SD	4,33	4,96	7,61	11,77	23,91	38,67	31,23	29,76
dU+1	1.	2,32	6,17	8,17	6,06	4,91	2,88	0,92	0,60
	2.	5,73	6,68	8,02	6,73	6,55	5,28	6,36	2,95
	3.	1,15	0,43	12,75	10,25	8,38	5,33	4,40	4,61
	Avg	3,07	4,43	9,64	7,68	6,61	4,50	3,89	2,72
	SD	2,38	3,47	2,69	2,25	1,73	1,40	2,75	2,01
dU+4	1.	7,28	7,11	9,19	11,96	15,64	21,38	25,08	28,28
	2.	8,43	8,76	11,39	11,32	11,73	14,36	13,51	13,14
	3.	9,06	10,25	13,88	18,66	26,60	31,64	39,91	33,59
	Avg	8,26	8,71	11,49	13,98	17,99	22,46	26,16	25,00
	SD	0,90	1,57	2,34	4,07	7,71	8,69	13,23	10,62

* rejected values







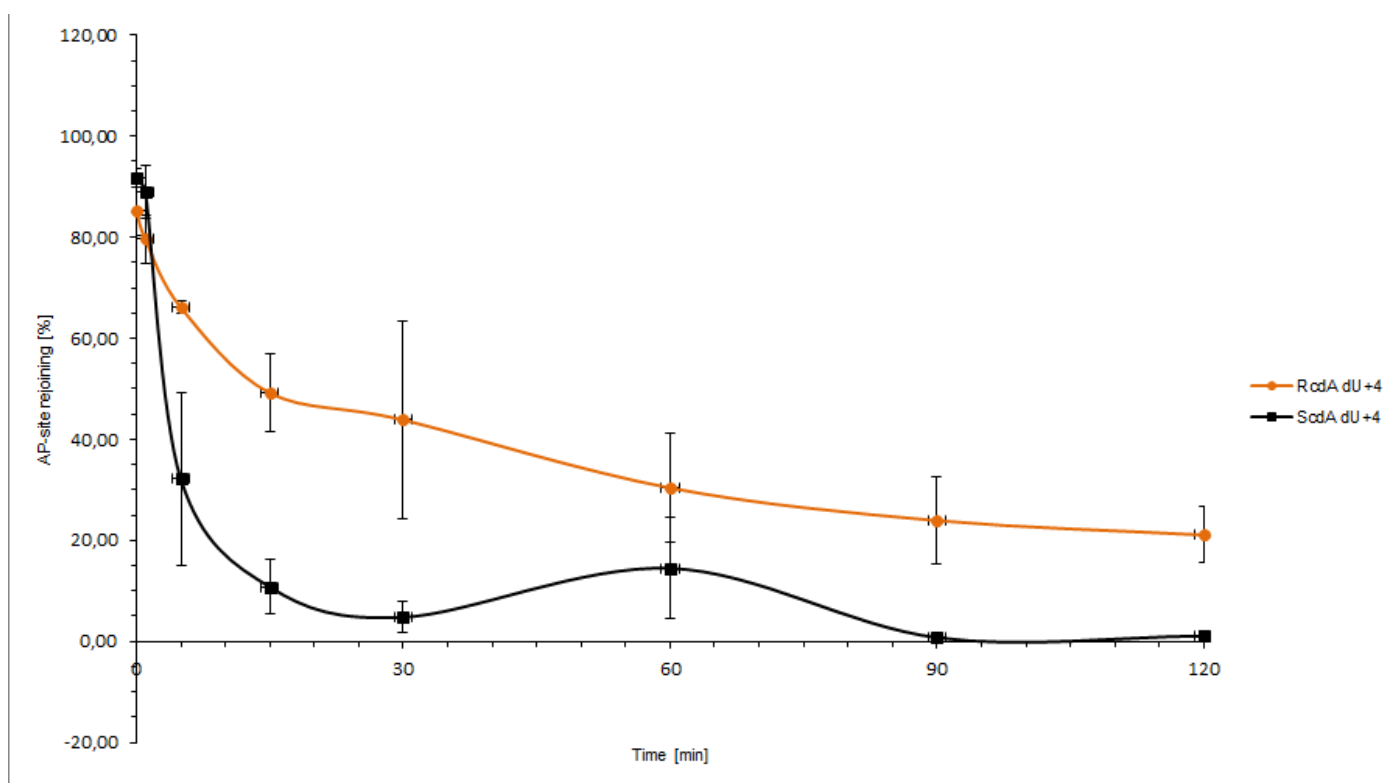
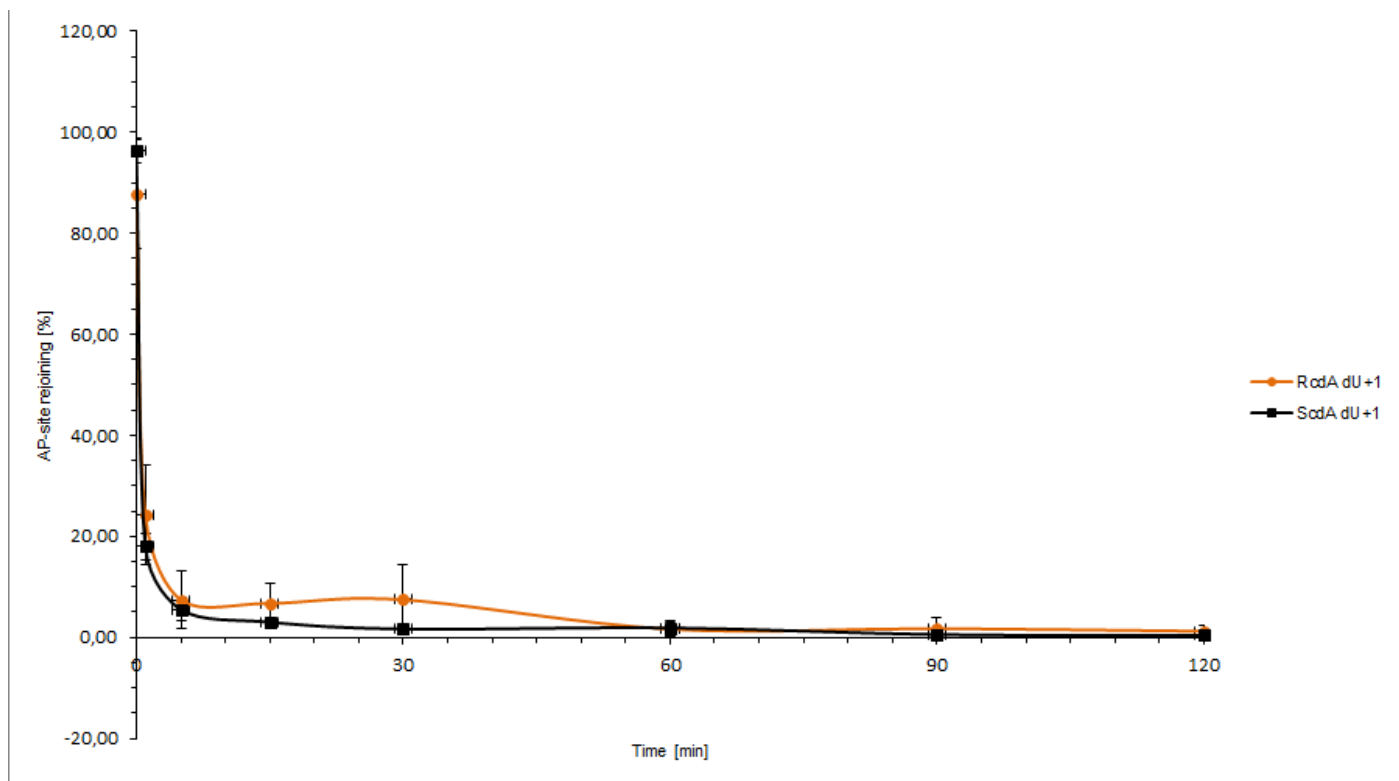
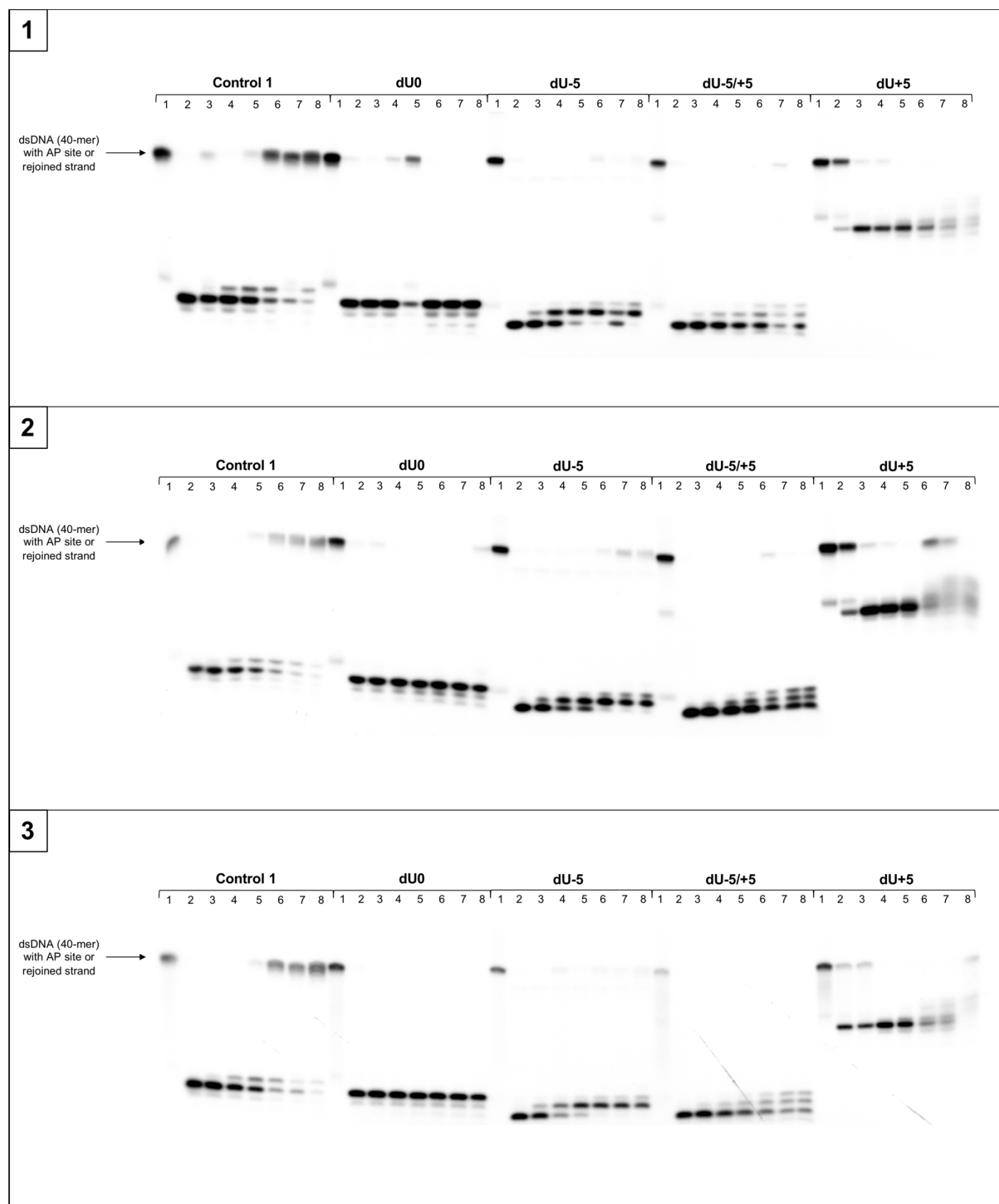


Figure S7. AP site rejoining [%] of ScdA vs. RcdA – comparison of individual strands – XPC Nuclear Extract.

A.



B.

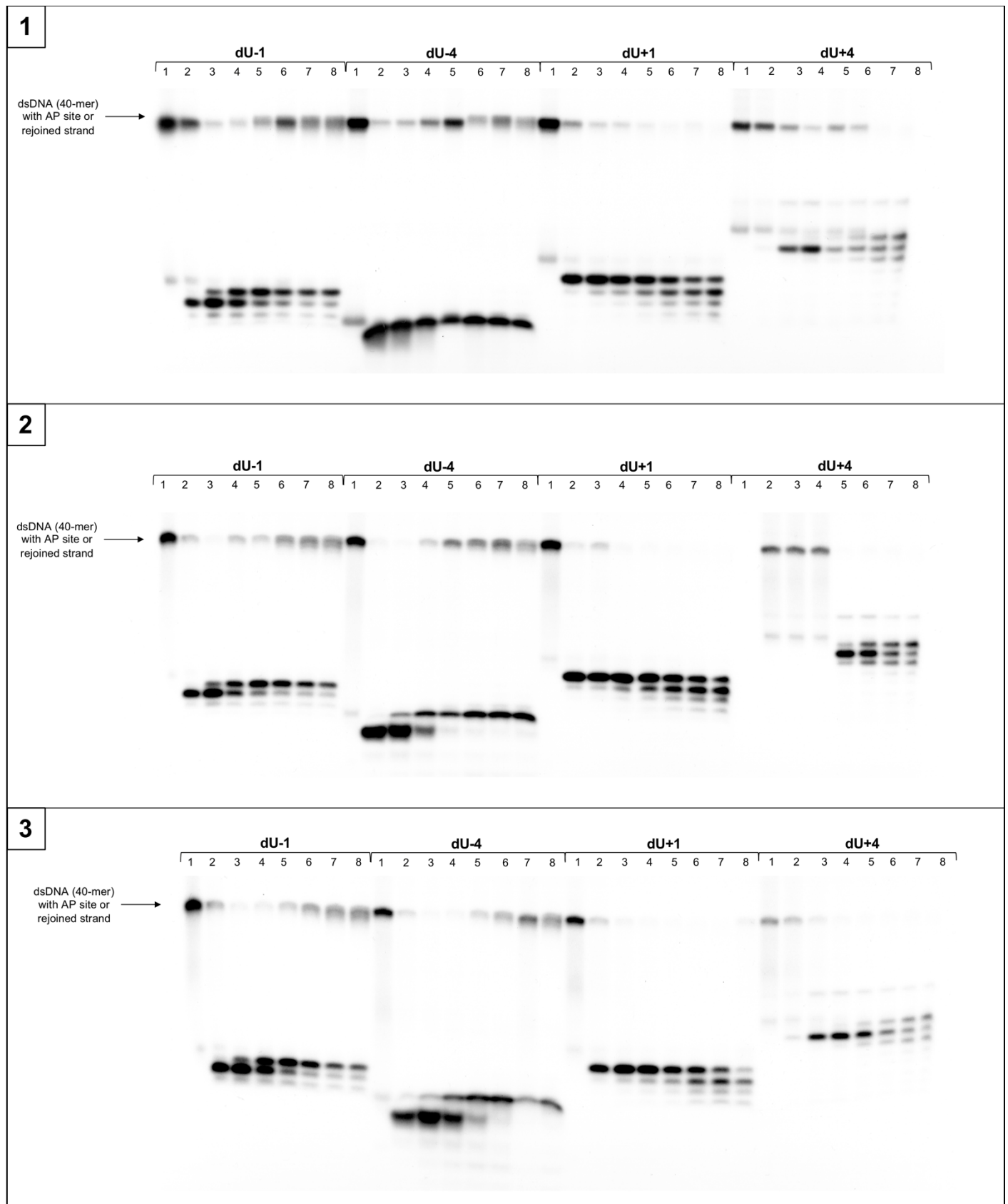
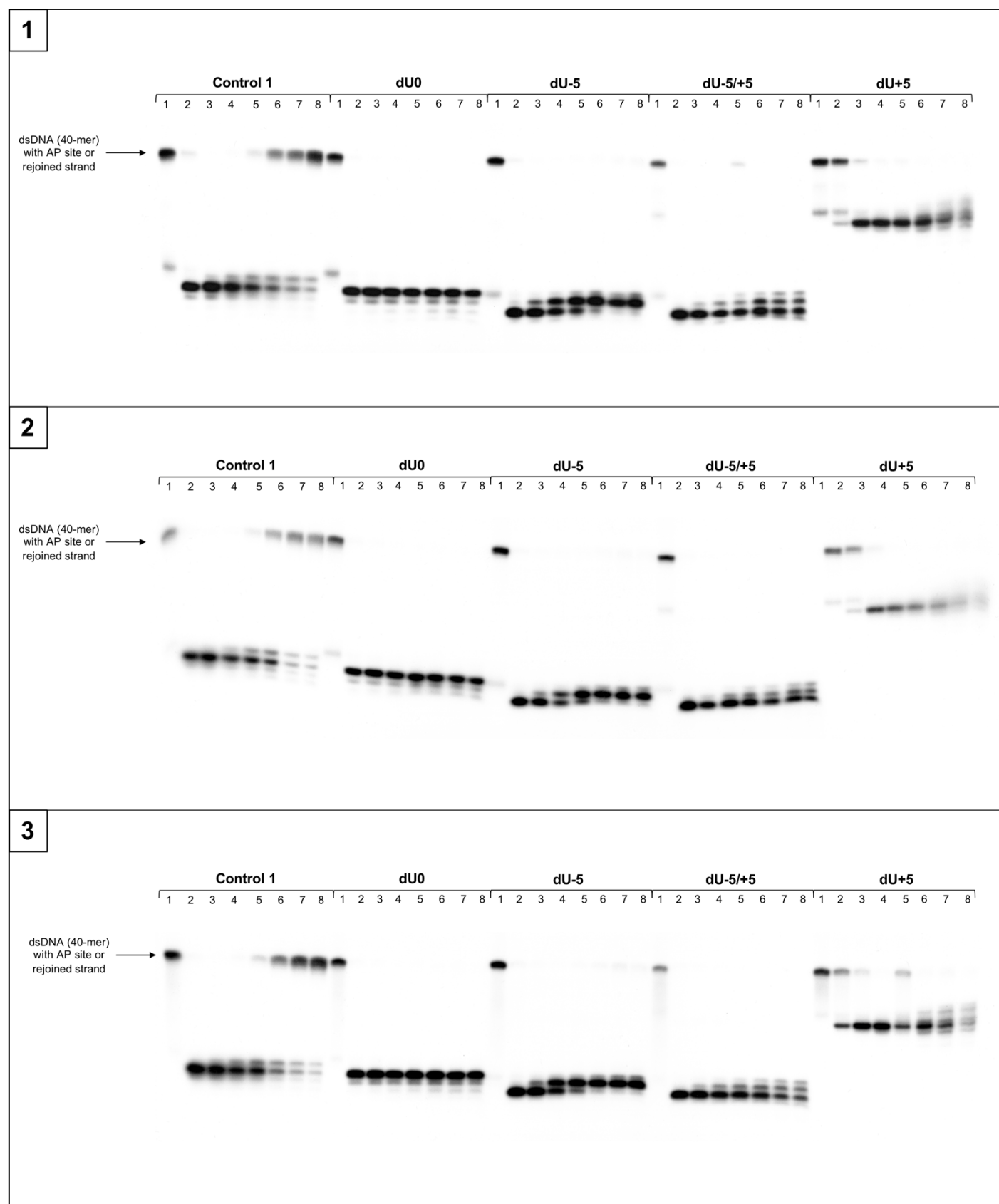


Figure S8. The autoradiograms presenting repair of (A) ss-CDL and (B) ds-CDL containing **ScdA** – BJ Nuclear Extract. Lanes correspond with different assay time: lane 1 - 0 min; lane 2 - 1 min; lane 3 - 5 min; lane 4 - 15 min; lane 5 - 30 min; lane 6 - 60 min; lane 7 - 90 min; lane 8 - 120 min. Three replications of the experiment are shown.

A.



B.

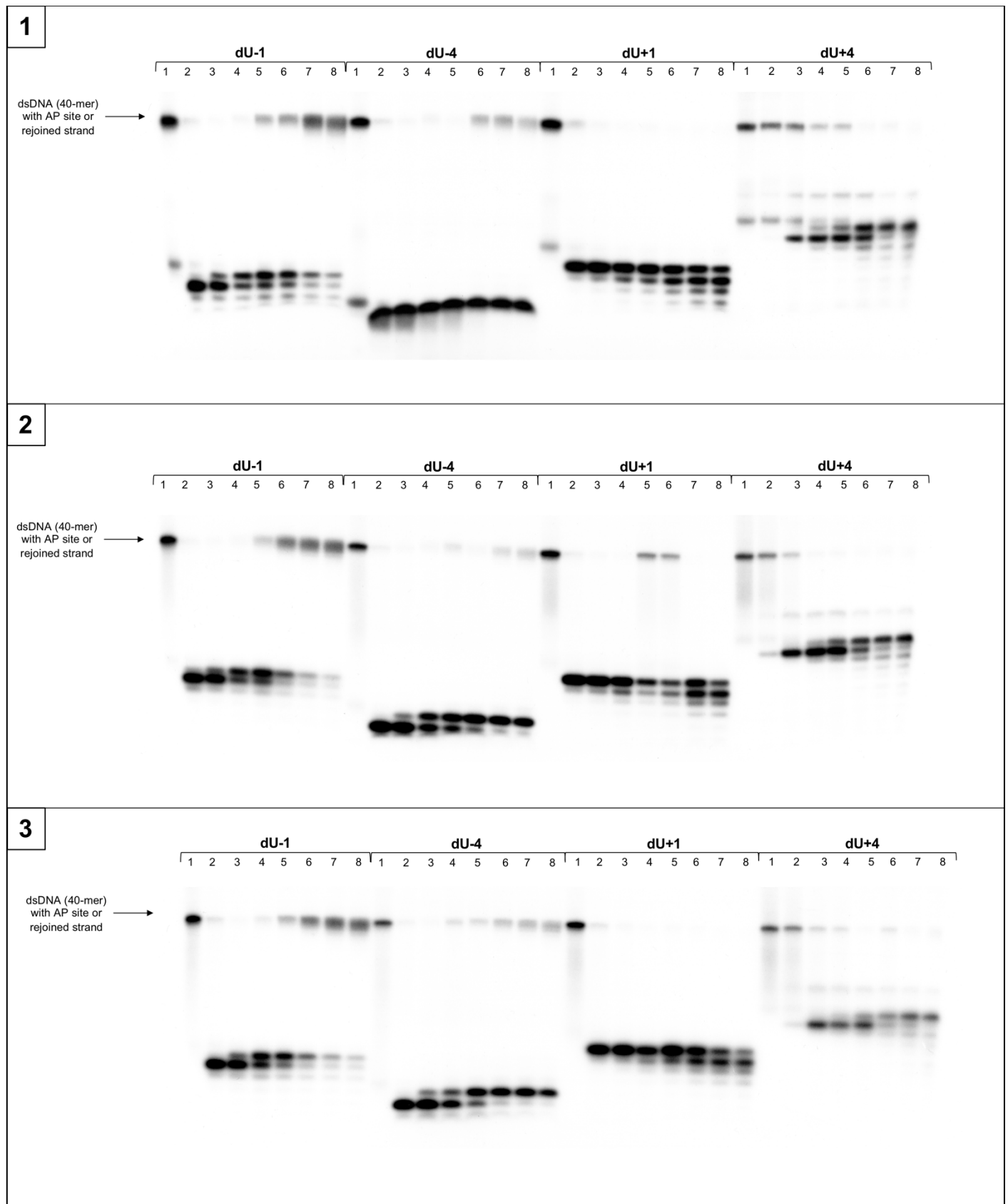
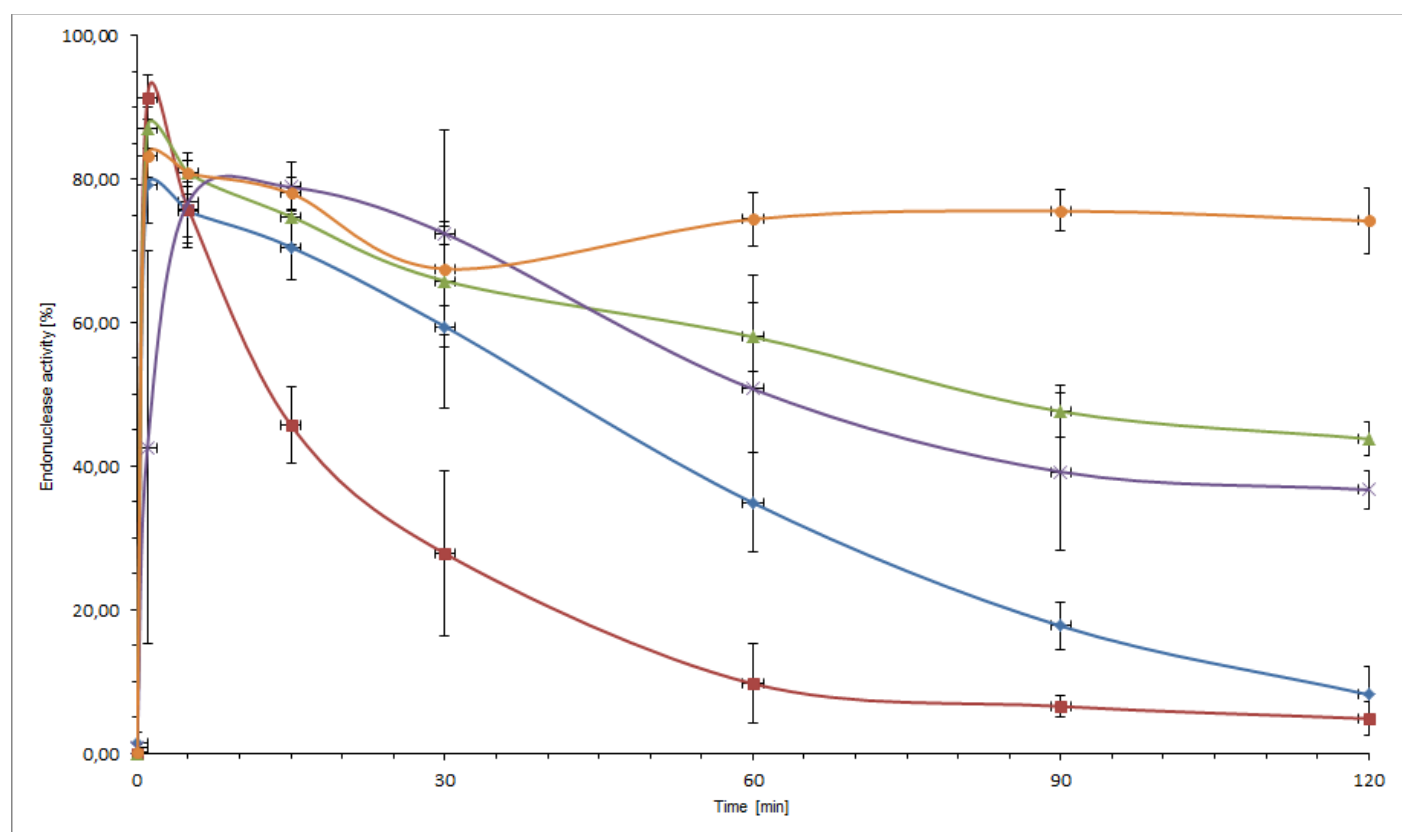
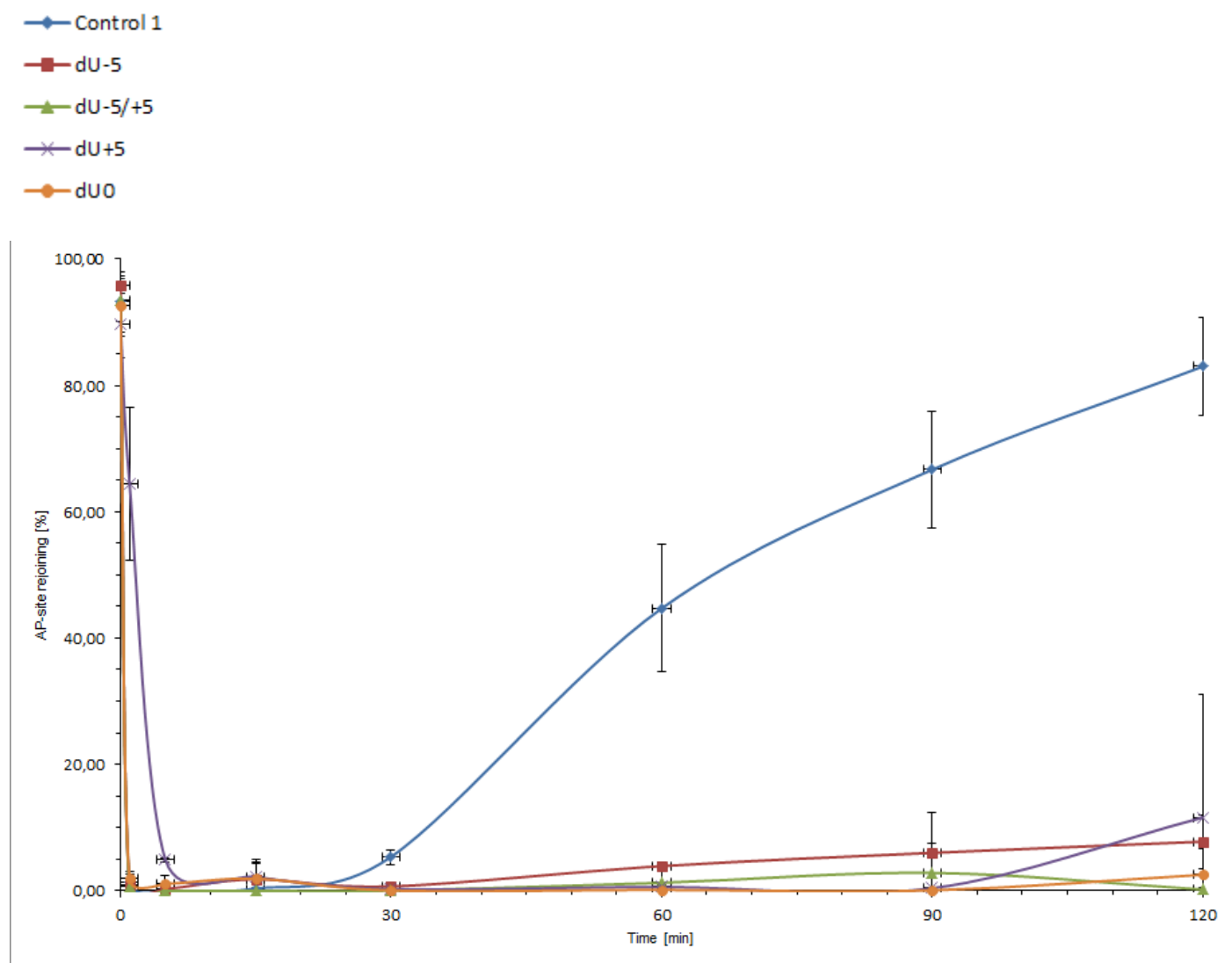
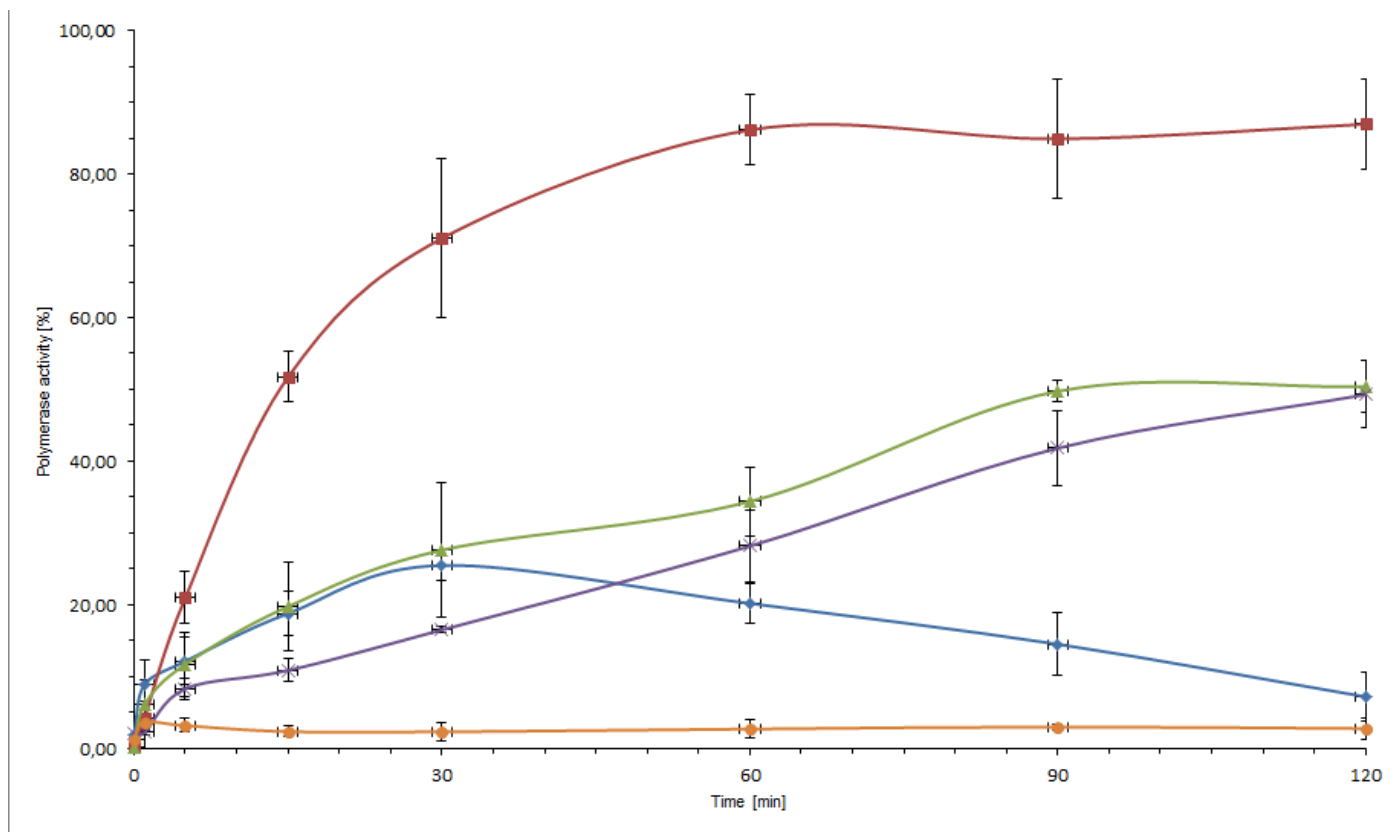


Figure S9. The autoradiograms presenting repair of (A) ss-CDL and (B) ds-CDL containing **RcdA** – BJ Nuclear Extract. Lanes correspond with different assay time: lane 1 - 0 min; lane 2 - 1 min; lane 3 - 5 min; lane 4 - 15 min; lane 5 - 30 min; lane 6 - 60 min; lane 7 - 90 min; lane 8 - 120 min. Three replications of the experiment are shown.

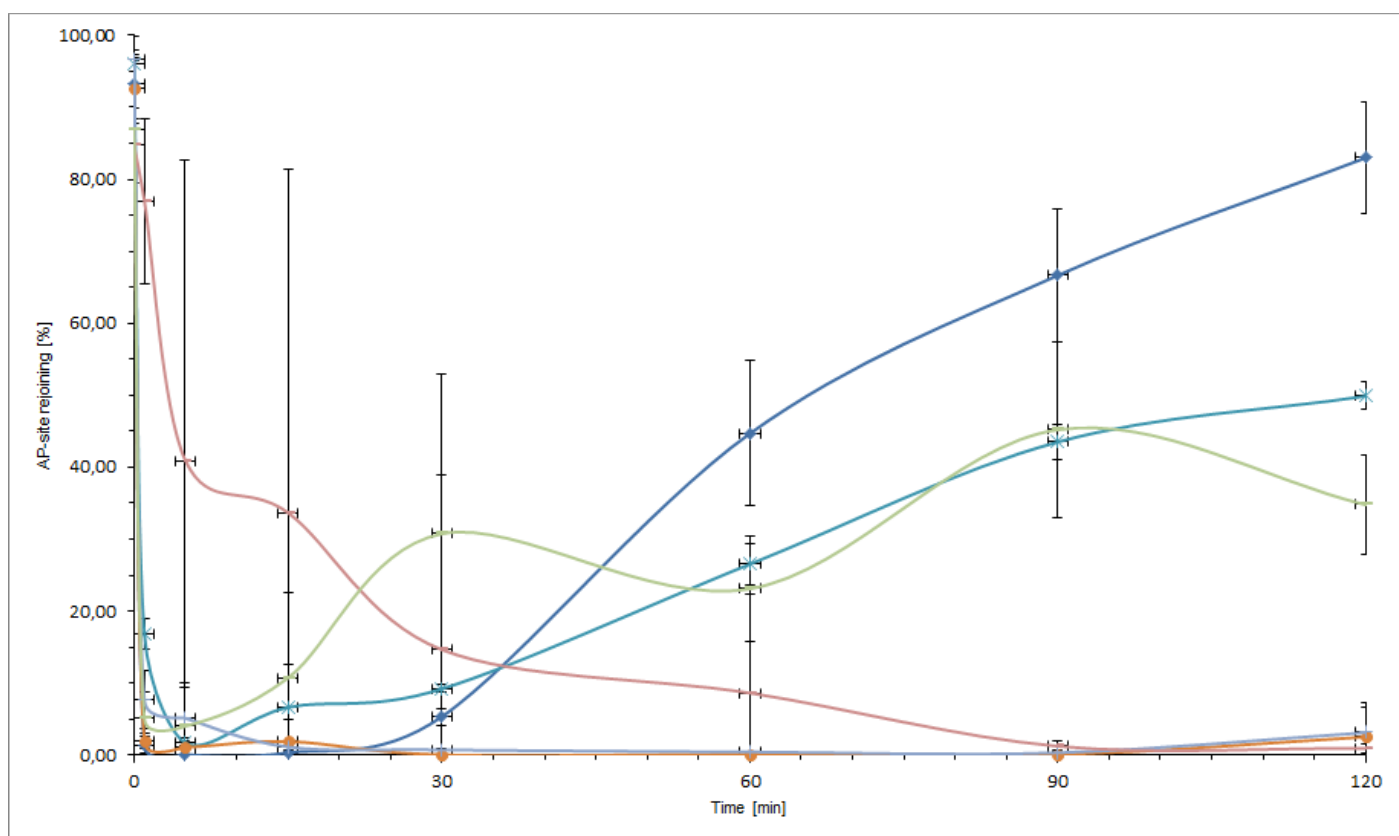
A.





B.

- Control 1
- dU-1
- dU 0
- dU +1
- dU +4
- dU -4



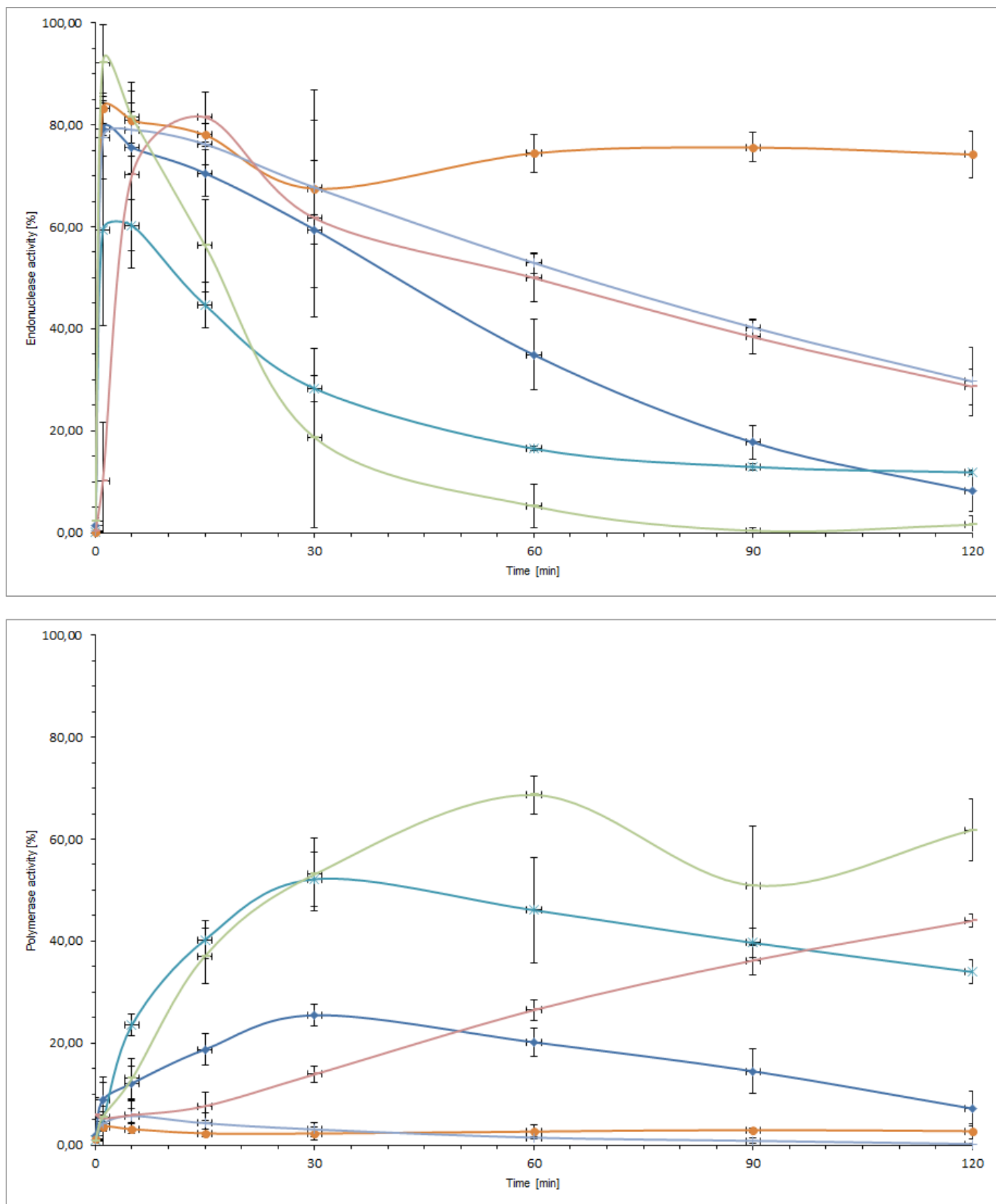


Figure S10. Graphical representation of DNA repair assays' results for ScdA – BJ Nuclear Extract. **(A)** ss-CDL, **(B)** ds-CDL

Table S4. Raw numerical data – Control 1 – BJ Nuclear Extract. * rejected values

		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	AP site rejoining [%]							
Control 1	1.	93,83	0,87	9,73*	0,55	6,20	52,04	73,82	79,86
	2.	95,42	0,70	0,06	0,28	6,11	37,93	66,81	90,54
	3.	97,67	0,23	0,05	0,15	4,78	57,57	72,02	91,79
	4.	85,07	3,42	0,05	0,33	4,59	32,76	49,07	74,22
	5.	90,50	2,16	0,17	0,27	3,74	23,88*	66,10	75,09
	6.	96,71	1,03	0,14	0,65	6,77	43,21	72,09	86,36
	Avg	93,20	1,40	0,09	0,37	5,37	44,70	66,65	82,98
	SD	4,71	1,18	0,06	0,19	1,17	10,13	9,16	7,68

		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Endonuclease activity [%]							
Control 1	1.	0,23	80,03	74,09	67,73	58,27	25,92	20,45	8,17
	2.	1,27	80,28	78,76	74,25	61,83	32,64	14,02	4,09
	3.	0,93	83,90	81,89	76,37	61,45	21,84*	21,61	4,06
	4.	0,51	80,97	74,28	68,57	61,48	39,63	27,69*	13,27
	5.	4,01	70,23	68,65	65,76	59,42	43,68	17,60	12,13
	6.	1,70	65,43*	61,13*	58,62*	54,26	32,60	14,89	7,20
	Avg	1,44	79,08	75,54	70,53	59,45	34,90	17,72	8,15
	SD	1,36	5,18	5,05	4,54	2,90	6,90	3,33	3,90

		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Polymerase activity [%]							
Control 1	1.	1,50	4,93*	6,07*	16,77	26,85	18,67	5,01*	10,94
	2.	2,11	9,12	10,77	16,53	24,13	24,03	16,10	4,00
	3.	0,83	5,16	8,02	15,38	28,51	18,25	4,94*	3,74
	4.	1,79	5,74	10,81	19,83	23,87	20,91	19,75	10,52
	5.	4,22	10,23	15,68	23,15	26,58	22,57	12,07	8,93
	6.	0,69	13,82	15,29	20,90	22,93	16,64	10,02	4,81
	Avg	1,86	8,81	12,11	18,76	25,48	20,18	14,48	7,16
	SD	1,28	3,53	3,28	3,01	2,15	2,81	4,32	3,34

Table S5. Raw numerical data – ScdA – BJ Nuclear Extract.

ScdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	AP site rejoining [%]							
dU0	1.	88,26	2,96	0,60	5,53	50,05*	0,26	0,08	0,09
	2.	91,72	1,89	2,67	0,15	0,07	0,11	0,08	7,40
	3.	97,67	0,95	0,13	0,07	0,05	0,05	0,07	0,15
	Avg	92,55	1,93	1,13	1,92	0,06	0,14	0,08	2,55
	SD	4,76	1,01	1,35	3,13	0,02	0,10	0,01	4,20
dU-5	1.	95,18	1,14	0,08	0,05	0,15	3,89	1,20	3,86
	2.	94,84	0,81	0,58	0,61	0,69	3,30	13,19	12,27
	3.	97,16	0,54	0,33	4,78	1,27	4,53	3,62	7,22
	Avg	95,72	0,83	0,33	1,81	0,70	3,91	6,00	7,78
	SD	1,25	0,30	0,25	2,58	0,56	0,61	6,34	4,23
dU-5/+5	1.	93,97	1,34	0,02	0,01	0,02	0,07	8,16	0,02
	2.	92,13	0,47	0,03	0,02	0,05	3,70	0,30	0,39
	3.	94,24	0,17	0,00	0,02	0,07	0,04	0,06	0,21
	Avg	93,44	0,66	0,02	0,02	0,04	1,27	2,84	0,20
	SD	1,15	0,61	0,01	0,00	0,03	2,10	4,61	0,18
dU+5	1.	91,16	72,97	4,68	4,60	0,23	0,40	0,29	0,32
	2.	83,71	55,86	5,06	1,81	0,39	28,91*	18,35*	0,51
	3.	94,07	19,43*	18,35*	0,20	0,18	0,81	0,54	34,00*
	Avg	89,65	64,42	4,87	2,20	0,27	0,61	0,41	11,61
	SD	5,34	12,10	0,27	2,23	0,11	0,29	0,18	19,39
dU-1	1.	91,59	49,93*	7,14*	6,49*	18,98*	45,60*	45,54	47,86
	2.	98,97	15,36	1,46	10,89	9,59	28,61	40,85	50,21
	3.	97,29	18,35	1,94	2,43	8,86	24,49	44,15	51,59
	Avg	95,95	16,85	1,70	6,66	9,22	26,55	43,52	49,88
	SD	3,87	2,12	0,34	5,98	0,52	2,91	2,41	1,89
dU-4	1.	75,74	9,06	11,00	23,93	49,05	21,68	37,05	33,89
	2.	94,89	1,91	0,53	7,42	37,02	31,05	39,40	28,37
	3.	89,85	4,20	0,55	0,88	6,24	16,63	59,20	42,11
	Avg	86,83	5,06	4,03	10,74	30,77	23,12	45,22	34,79
	SD	9,93	3,65	6,04	11,88	22,08	7,32	12,17	6,91
dU+1	1.	88,71*	21,63*	7,38*	6,25*	3,24*	1,92*	2,95*	1,55*
	2.	96,53	4,79	8,17	1,21	0,71	0,46	0,27	0,23
	3.	96,74	10,51	2,15	1,10	0,80	0,46	0,43	6,07
	Avg	96,64	7,65	5,16	1,16	0,76	0,46	0,35	3,15
	SD	0,14	4,04	4,26	0,08	0,07	0,00	0,11	4,13
dU+4	1.	78,67	77,33	28,66	10,70	42,66	24,42	1,95	1,57
	2.	88,25	88,28	87,31	88,53	0,48	0,54	0,75	0,37
	3.	87,21	65,35	6,81	1,82	0,83	0,98	1,06	0,95
	Avg	84,71	76,98	40,93	33,68	14,65	8,65	1,26	0,96
	SD	5,26	11,47	41,63	47,70	24,25	13,67	0,62	0,60

* rejected values

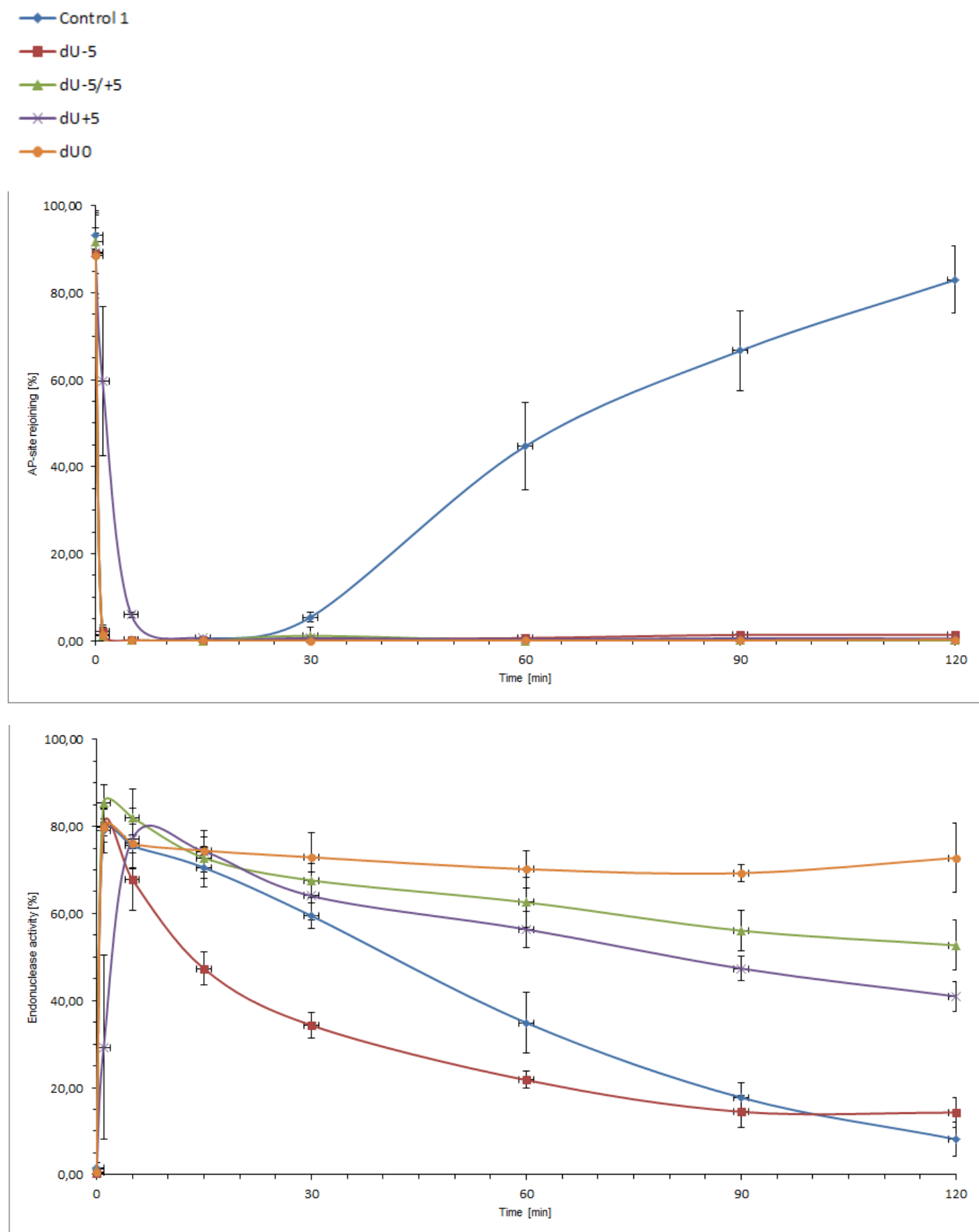
ScdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Endonuclease activity [%]							
dU0	1.	0,12	80,77	80,85	75,67	45,25	71,40	73,56	71,46
	2.	0,37	82,46	79,06	78,28	76,98	73,28	74,32	71,59
	3.	0,01	86,45	82,57	80,10	80,24	78,61	78,87	79,54
	Avg	0,17	83,23	80,83	78,02	67,49	74,43	75,58	74,20
	SD	0,18	2,92	1,75	2,22	19,33	3,74	2,88	4,62
dU-5	1.	0,00	94,94	78,94	50,84	21,75	5,55	44,83*	3,01
	2.	0,00	88,86	71,56	45,92	41,07	15,96	7,59	7,40
	3.	0,00	90,48	76,88	40,35	20,64	7,53	5,42	3,97
	Avg	0,00	91,43	75,79	45,70	27,82	9,68	6,51	4,79
	SD	0,00	3,15	3,81	5,25	11,49	5,53	1,53	2,31
dU-5/+5	1.	0,00	90,28	84,05	78,50	74,55	63,06	50,98	61,31*
	2.	0,00	84,54	78,70	70,75	61,45	57,33	48,05	45,52
	3.	0,00	86,61	79,71	75,12	61,48	53,66	43,83	42,08
	Avg	0,00	87,14	80,82	74,79	65,82	58,02	47,62	43,80
	SD	0,00	2,91	2,84	3,88	7,56	4,74	3,59	2,43
dU+5	1.	0,21	20,30	83,04	77,61	72,85	64,01	48,20	34,86
	2.	0,94	34,18	75,84	76,28	70,73	33,15	26,99	38,55
	3.	1,13	73,13	71,69	82,74	73,75	55,11	42,42	9,40*
	Avg	0,76	42,54	76,85	78,88	72,44	50,76	39,20	27,60
	SD	0,48	27,38	5,74	3,41	1,55	15,88	10,97	15,87
dU-1	1.	0,00	39,21	55,39	42,41	26,06	16,05	12,22	11,72
	2.	0,04	76,37	65,38	41,77	27,82	16,48	13,00	11,55
	3.	0,35	62,19	60,10	49,88	30,97	16,92	13,48	12,27
	Avg	0,13	59,26	60,29	44,68	28,28	16,48	12,90	11,85
	SD	0,19	18,75	4,99	4,51	2,49	0,44	0,64	0,38
dU-4	1.	3,06*	50,59*	60,22	33,05	5,11	10,06	5,99	3,85
	2.	0,35	97,40	85,14	49,92	6,21	2,18	0,75	2,78
	3.	4,19	86,93	77,98	62,72	31,07	8,21	0,00	0,35
	Avg	2,27	92,16	81,56	56,32	18,64	5,19	0,38	1,56
	SD	2,72	7,40	5,06	9,05	17,58	4,27	0,53	1,72
dU+1	1.	0,00	68,20	74,13	73,46	65,34	51,74	40,31	32,77
	2.	0,48	82,96	78,44	74,38	63,97	51,80	41,97	34,33
	3.	0,32	81,16	84,53	80,82	73,86	55,21	38,49	21,92
	Avg	0,27	77,44	79,03	76,22	67,72	52,92	40,26	29,67
	SD	0,24	8,05	5,23	4,01	5,36	1,99	1,74	6,76
dU+4	1.	0,00	1,88	57,25	78,08	39,53	44,86	41,78	32,47
	2.	0,11	0,12*	0,17*	0,27*	70,79	50,85	38,39	27,94
	3.	0,58	18,34	83,09	84,93	74,77	54,17	34,98	25,55
	Avg	0,23	10,11	70,17	81,51	61,69	49,96	38,38	28,65
	SD	0,31	11,64	18,27	4,85	19,30	4,72	3,40	3,51

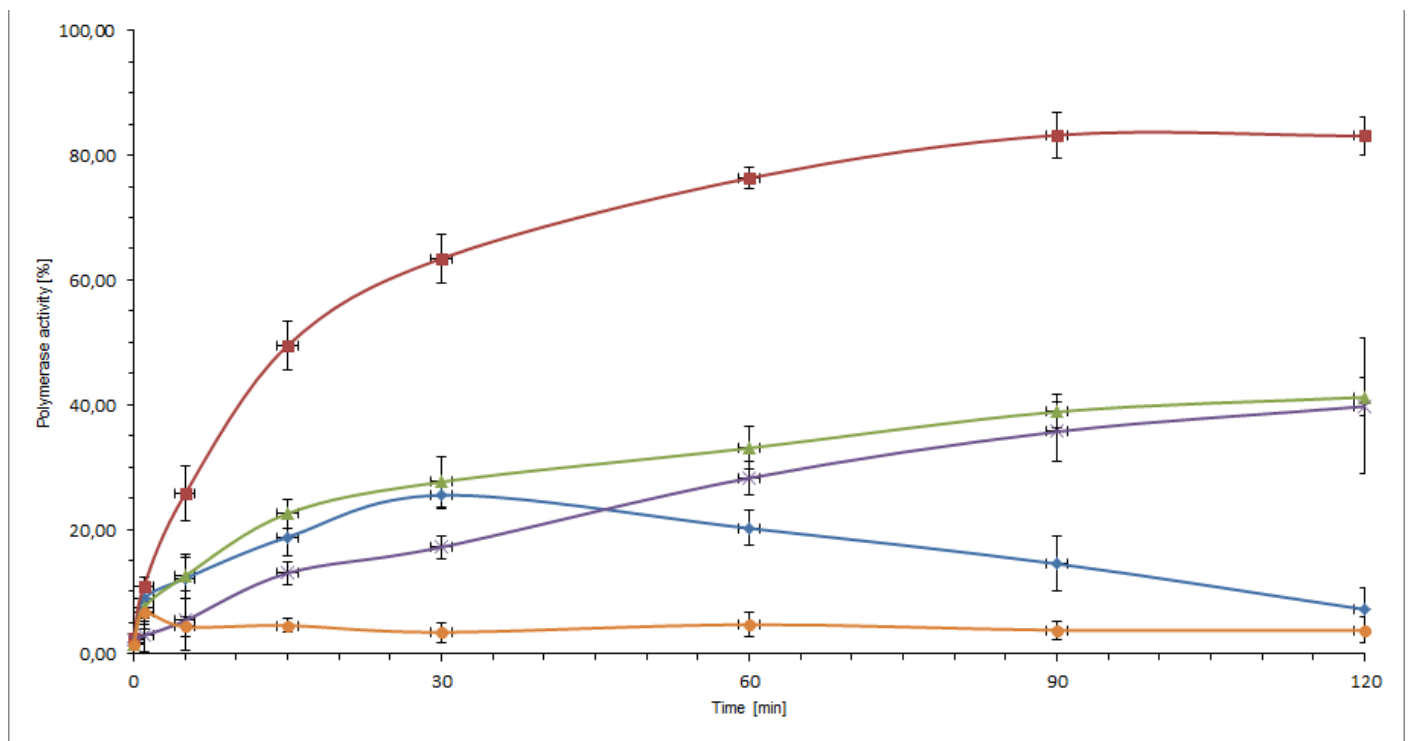
* rejected values

ScdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Polymerase activity [%]							
dU0	1.	1,97	4,81	2,06	2,13	0,94	1,56	2,90	2,70
	2.	1,08	2,95	3,99	3,08	2,60	4,10	3,37	4,16
	3.	0,69	3,09	3,38	1,71	3,29	2,30	2,61	1,30
	Avg	1,25	3,62	3,14	2,31	2,28	2,65	2,96	2,72
	SD	0,66	1,03	0,98	0,70	1,21	1,30	0,39	1,43
dU-5	1.	0,00	1,91	18,13	47,68	77,08	90,06	53,14*	92,35
	2.	0,48	6,48	25,07	53,47	58,24	80,68	79,05	80,11
	3.	0,00	4,14	19,74	54,06	77,85	87,82	90,83	88,50
	Avg	0,16	4,18	20,98	51,74	71,06	86,19	84,94	86,98
	SD	0,28	2,29	3,63	3,52	11,11	4,90	8,33	6,26
dU-5/+5	1.	0,00	2,95	9,10	15,97	18,14	28,90	32,58*	29,20*
	2.	0,09	9,90	16,87	26,83	36,87	37,96	50,82	52,91
	3.	0,00	5,30	9,10	16,40	27,82	36,28	48,68	47,83
	Avg	0,03	6,05	11,69	19,73	27,61	34,38	49,75	50,37
	SD	0,05	3,54	4,49	6,15	9,37	4,82	1,52	3,59
dU+5	1.	0,90	0,66	7,01	12,25	16,44	22,54	35,91	50,84
	2.	0,14	0,06	9,95	11,18	16,12	29,77	44,04	44,01
	3.	4,80	5,74	7,92	9,10	16,90	32,20	45,50	53,03
	Avg	1,95	2,15	8,29	10,84	16,49	28,17	41,82	49,29
	SD	2,50	3,12	1,51	1,60	0,39	5,03	5,16	4,71
dU-1	1.	1,06	3,43	24,19	41,92	47,66	34,09	38,42	35,40
	2.	0,36	3,63	25,39	42,84	58,12	51,39	42,99	35,25
	3.	1,44	6,77	21,12	36,07	50,66	52,75	37,62	31,23
	Avg	0,95	4,61	23,57	40,28	52,15	46,08	39,68	33,96
	SD	0,55	1,87	2,20	3,67	5,39	10,40	2,90	2,37
dU-4	1.	1,64	14,47	8,60	37,30	44,95	67,12	56,27	61,58
	2.	0,00	0,63	14,22	42,43	55,92	66,02	58,87	67,97
	3.	0,53	1,49	16,22	31,55	58,39	72,86	37,69	55,82
	Avg	0,72	5,53	13,02	37,09	53,09	68,67	50,95	61,79
	SD	0,84	7,75	3,95	5,44	7,16	3,68	11,55	6,08
dU+1	1.	1,85	3,94	8,90	6,35	4,25	1,43	1,43	0,20
	2.	0,60	4,17	3,46	4,24	3,43	1,69	0,47	0,06
	3.	0,52	4,35	4,78	2,28	1,52	1,27	0,61	0,42
	Avg	0,99	4,15	5,71	4,29	3,07	1,46	0,84	0,23
	SD	0,74	0,21	2,84	2,04	1,40	0,21	0,52	0,18
dU+4	1.	9,38	6,35	6,98	9,72	15,29	28,44	39,45	43,23
	2.	2,55	2,47	4,32	4,47	14,33	26,67	34,15	45,43
	3.	5,98	6,87	6,30	8,76	12,00	24,31	35,03	43,26
	Avg	5,97	5,23	5,87	7,65	13,87	26,47	36,21	43,97
	SD	3,41	2,41	1,38	2,80	1,69	2,07	2,84	1,27

* rejected values

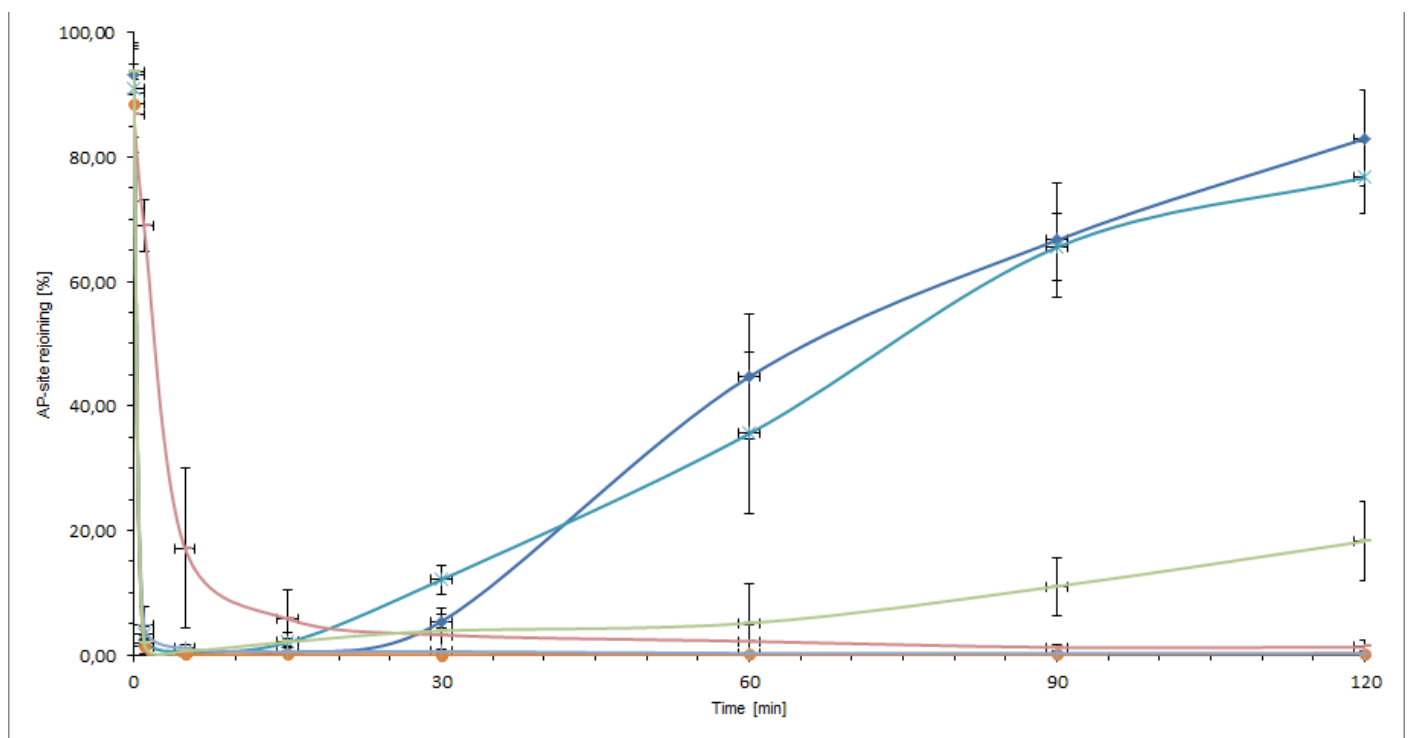
A.





B.

- Control 1
- dU-1
- dU 0
- dU +1
- dU +4
- dU -4



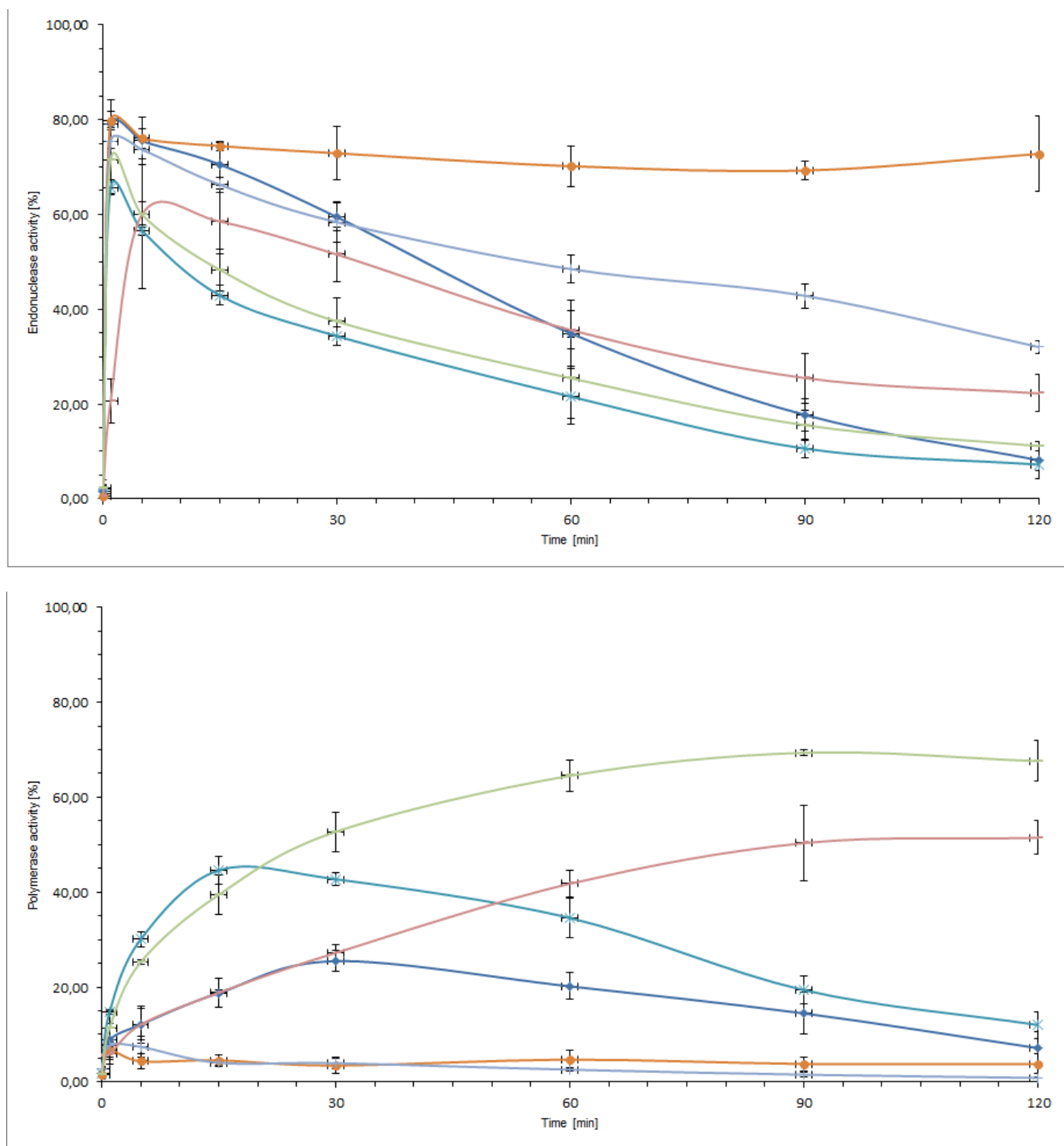


Figure S11. Graphical representation of DNA repair assays' results for RcdA – BJ Nuclear Extract. **(A)** ss-CDL, **(B)** ds-CDL

Table S6. Raw numerical data – RcdA – BJ Nuclear Extract.

RcdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	AP site rejoining [%]							
dU0	1.	78,56	0,66	0,10	0,05	0,03	0,03	0,04	0,07
	2.	89,23	3,38	0,22	0,05	0,04	0,10	0,05	0,56
	3.	98,10	0,44	0,10	0,00	0,00	0,04	0,09	0,09
	Avg	88,63	1,49	0,14	0,03	0,03	0,06	0,06	0,24
	SD	9,78	1,64	0,07	0,03	0,02	0,04	0,02	0,28
dU-5	1.	84,34	1,29	0,12	0,08	0,14	0,22	0,57	0,95
	2.	88,98	3,76	0,37	0,27	0,32	0,62	1,23	1,41
	3.	93,76	1,23	0,31	0,08	0,41	1,00	2,22	1,66
	Avg	89,03	2,10	0,27	0,15	0,29	0,61	1,34	1,34
	SD	4,71	1,44	0,13	0,11	0,14	0,39	0,83	0,36
dU-5/+5	1.	88,41	0,30	0,06	0,00	3,33	0,02	0,01	0,01
	2.	93,26	2,84	0,10	0,03	0,03	0,00	0,03	0,08
	3.	93,88	0,53	0,04	0,00	0,00	0,00	0,05	0,03
	Avg	91,85	1,22	0,07	0,01	1,12	0,01	0,03	0,04
	SD	2,99	1,41	0,03	0,01	1,92	0,01	0,02	0,04
dU+5	1.	78,73	65,11	5,78	0,91	1,00	0,21	0,17	0,23
	2.	91,69	73,33	5,47	0,41	0,18	0,16	0,48	0,78
	3.	97,29	40,41	6,65	0,28	19,62*	0,65	1,01	0,48
	Avg	89,23	59,62	5,97	0,53	0,59	0,34	0,56	0,50
	SD	9,52	17,13	0,61	0,33	0,58	0,27	0,42	0,27
dU-1	1.	79,04	3,49	0,57	1,88	13,11	21,38	59,68	70,16
	2.	96,29	1,98	0,82	1,53	9,40	38,38	66,52	80,79
	3.	98,06	4,30	0,66	2,58	13,74	46,89	70,34	79,20
	Avg	91,13	3,26	0,68	2,00	12,08	35,55	65,51	76,72
	SD	10,51	1,18	0,13	0,53	2,35	12,99	5,40	5,73
dU-4	1.	94,86	2,19	0,73	1,18	3,43	1,48	8,28	14,50
	2.	93,90	2,07	0,71	1,17	3,63	1,55	8,37	14,58
	3.	92,43	1,59	0,54	3,86	4,48	12,25	16,41	25,69
	Avg	93,73	1,95	0,66	2,07	3,85	5,09	11,02	18,26
	SD	1,23	0,32	0,11	1,55	0,55	6,20	4,67	6,44
dU+1	1.	82,31	8,27	1,69	0,63	0,73	0,28	0,22	0,30
	2.	96,17	2,57	0,73	0,58	21,85*	16,90*	0,33	0,08
	3.	92,40	3,45	0,84	0,31	0,37	0,24	0,13	0,22
	Avg	90,30	4,76	1,09	0,51	0,55	0,26	0,23	0,20
	SD	7,17	3,07	0,53	0,18	0,26	0,03	0,10	0,11
dU+4	1.	70,64	65,04	31,89	10,55	8,26	0,96	1,69	0,73
	2.	94,72	68,42	10,48	1,07	0,76	0,49	0,81	0,57
	3.	95,10	73,44	8,91	5,72	0,60	5,11	1,08	2,49
	Avg	86,82	68,97	17,10	5,78	3,21	2,18	1,19	1,26
	SD	14,02	4,22	12,84	4,74	4,38	2,54	0,45	1,06

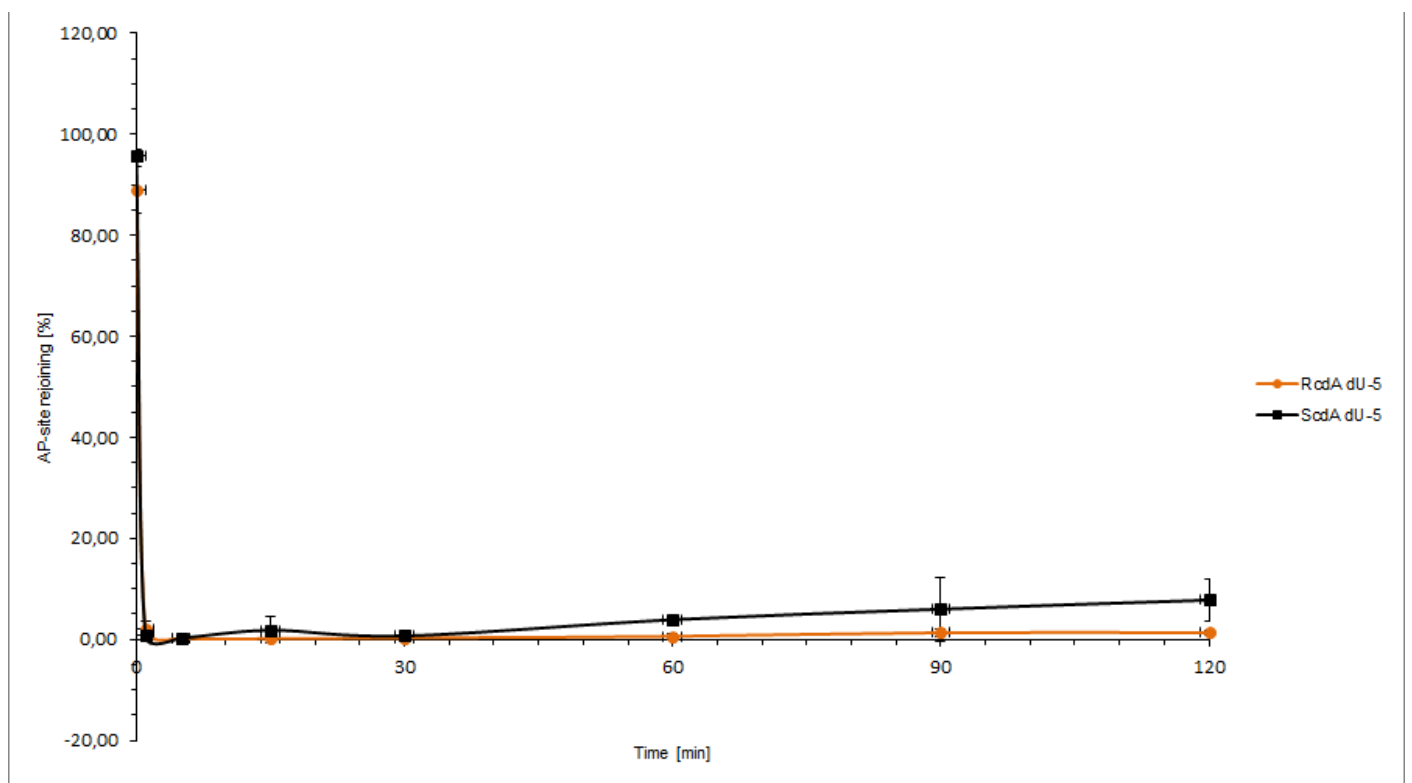
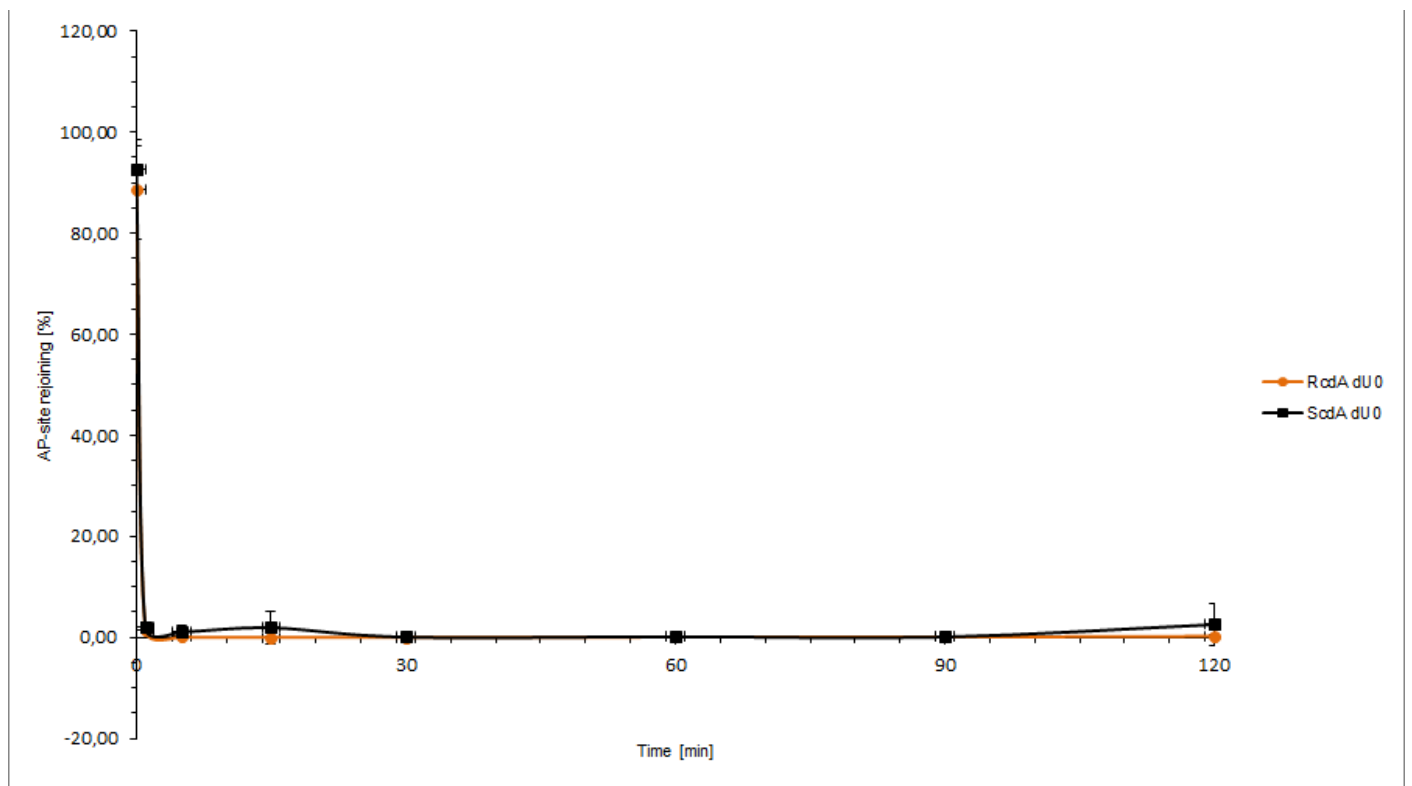
* rejected values

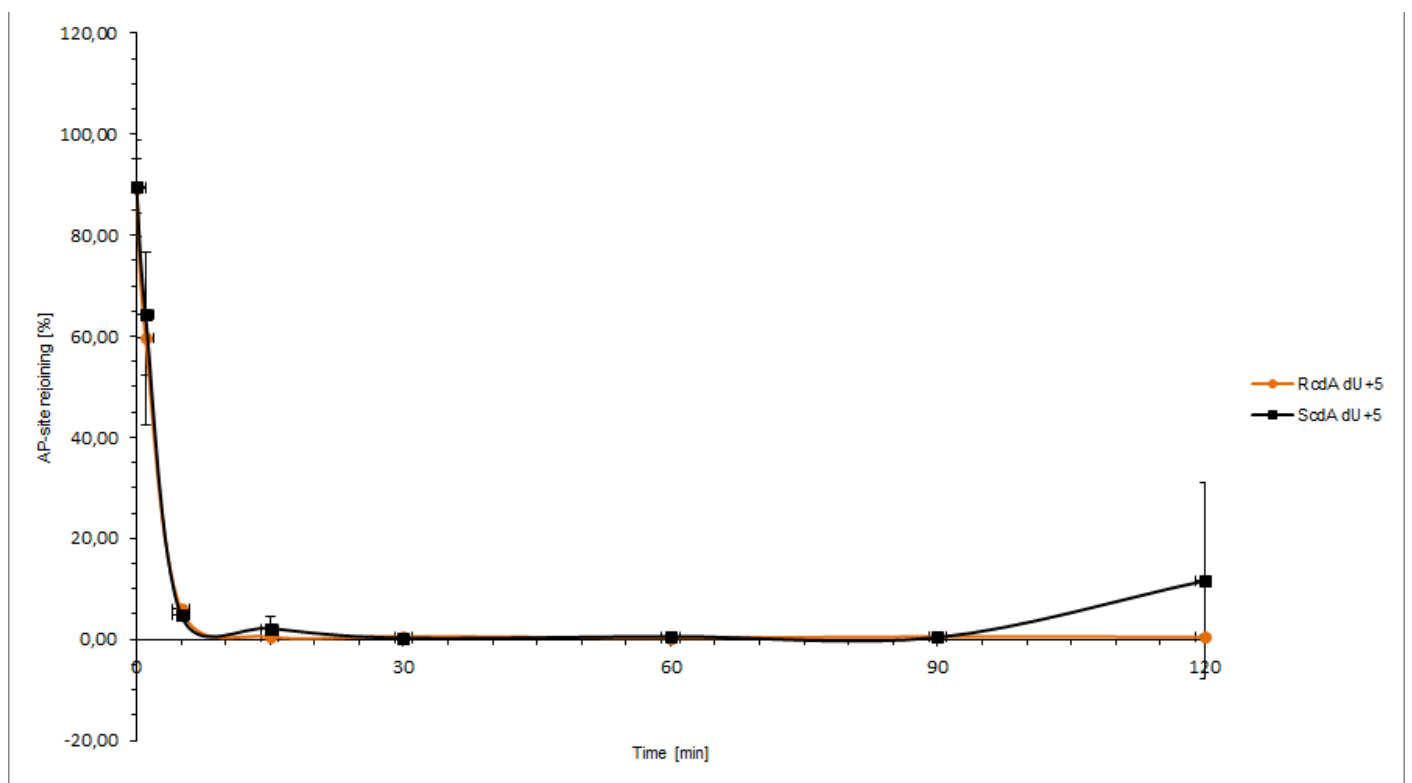
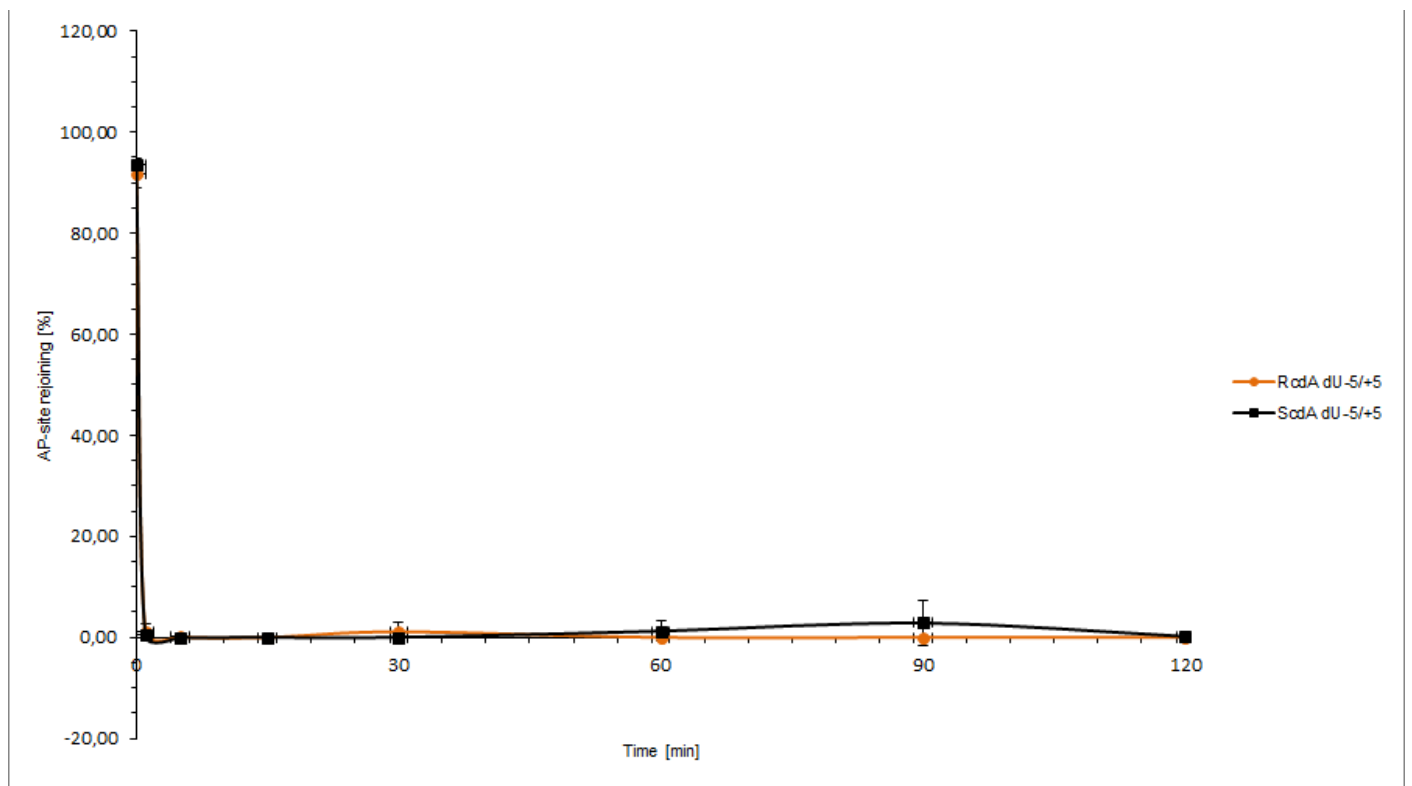
RcdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Endonuclease activity [%]							
dU0	1.	0,27	80,91	77,01	75,57	79,49	75,05	71,49	81,81
	2.	0,99	80,93	77,51	74,21	69,31	68,70	68,69	67,37
	3.	0,31	77,60	73,64	73,61	69,95	66,85	67,65	69,26
	Avg	0,52	79,82	76,05	74,46	72,92	70,20	69,27	72,81
	SD	0,41	1,92	2,11	1,01	5,70	4,30	1,99	7,85
dU-5	1.	0,16	75,72	61,31	46,14	35,93	22,36	12,24	13,07
	2.	0,04	82,70	75,39	51,58	36,12	23,30	18,62	18,12
	3.	0,80	82,03	66,69	44,24	30,91	19,57	12,53	11,67
	Avg	0,33	80,15	67,80	47,32	34,32	21,75	14,46	14,29
	SD	0,41	3,85	7,10	3,81	2,96	1,94	3,61	3,39
dU-5/+5	1.	0,00	90,30	85,48	75,26	69,97	60,84	56,61	52,01
	2.	0,93	82,44	86,04	75,85	69,75	69,04	60,46	58,76
	3.	2,86	83,41	74,59	67,31	63,16	57,83	51,19	47,34
	Avg	1,26	85,38	82,03	72,81	67,63	62,57	56,09	52,70
	SD	1,46	4,28	6,45	4,77	3,87	5,80	4,66	5,74
dU+5	1.	0,35	16,42	69,42	68,79	65,09	51,84	44,07	38,93
	2.	0,48	17,71	82,95	76,45	69,03	57,39	48,61	44,99
	3.	0,11	53,58	79,09	77,56	58,01	59,88	49,43	38,98
	Avg	0,31	29,24	77,15	74,27	64,04	56,37	47,37	40,97
	SD	0,19	21,10	6,97	4,77	5,58	4,12	2,89	3,48
dU-1	1.	0,48	66,42	56,59	41,03	33,92	27,34	11,74	8,66
	2.	2,09	63,82	55,59	45,08	36,57	21,62	11,63	6,26
	3.	0,66	66,75	57,75	42,70	32,56	15,79	8,48	6,79
	Avg	1,07	65,66	56,64	42,93	34,35	21,59	10,62	7,24
	SD	0,88	1,61	1,08	2,04	2,04	5,77	1,85	1,26
dU-4	1.	1,53	69,47	59,98	45,80	39,83	29,06	15,14	10,83
	2.	2,17	65,67	57,23	45,68	40,79	31,58	18,93	12,28
	3.	3,06	79,19	62,78	53,44	31,65	15,76	12,57	10,36
	Avg	2,25	71,44	60,00	48,31	37,42	25,47	15,55	11,15
	SD	0,77	6,97	2,78	4,45	5,02	8,50	3,20	1,00
dU+1	1.	0,61	71,16	71,38	64,52	62,02	49,85	40,77	31,20
	2.	1,12	78,47	75,33	66,65	53,59	45,01	45,73	33,65
	3.	4,18	76,58	74,33	67,64	59,54	50,60	42,06	31,21
	Avg	1,97	75,41	73,68	66,27	58,38	48,49	42,85	32,02
	SD	1,93	3,79	2,06	1,59	4,33	3,03	2,57	1,41
dU+4	1.	0,33	1,57*	42,71	52,12	45,10	32,95	19,60	18,74
	2.	0,42	23,97	72,90	65,75	55,68	40,33	27,18	26,50
	3.	0,85	17,36	64,27	57,67	53,90	33,59	29,71	21,54
	Avg	0,53	20,67	59,96	58,51	51,56	35,63	25,50	22,26
	SD	0,28	4,67	15,55	6,85	5,66	4,09	5,26	3,93

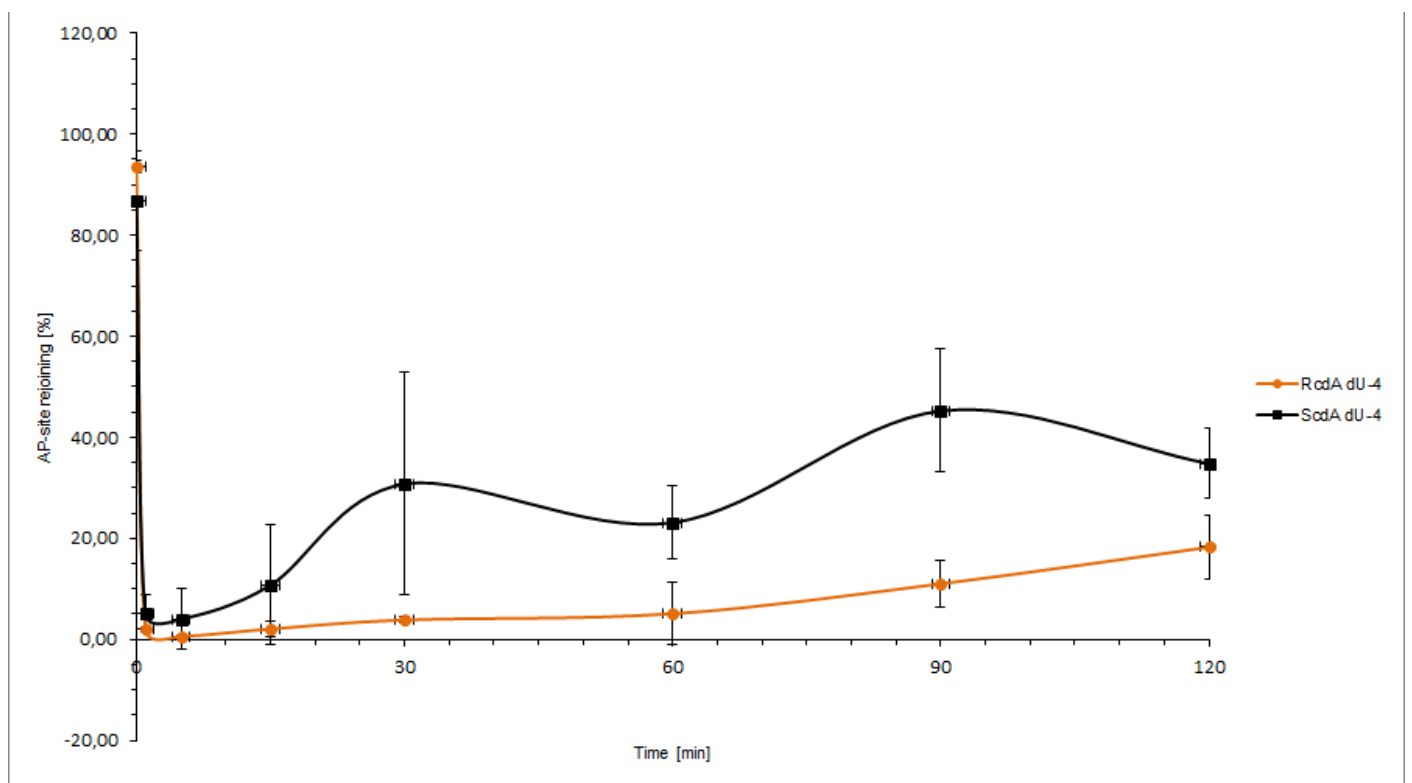
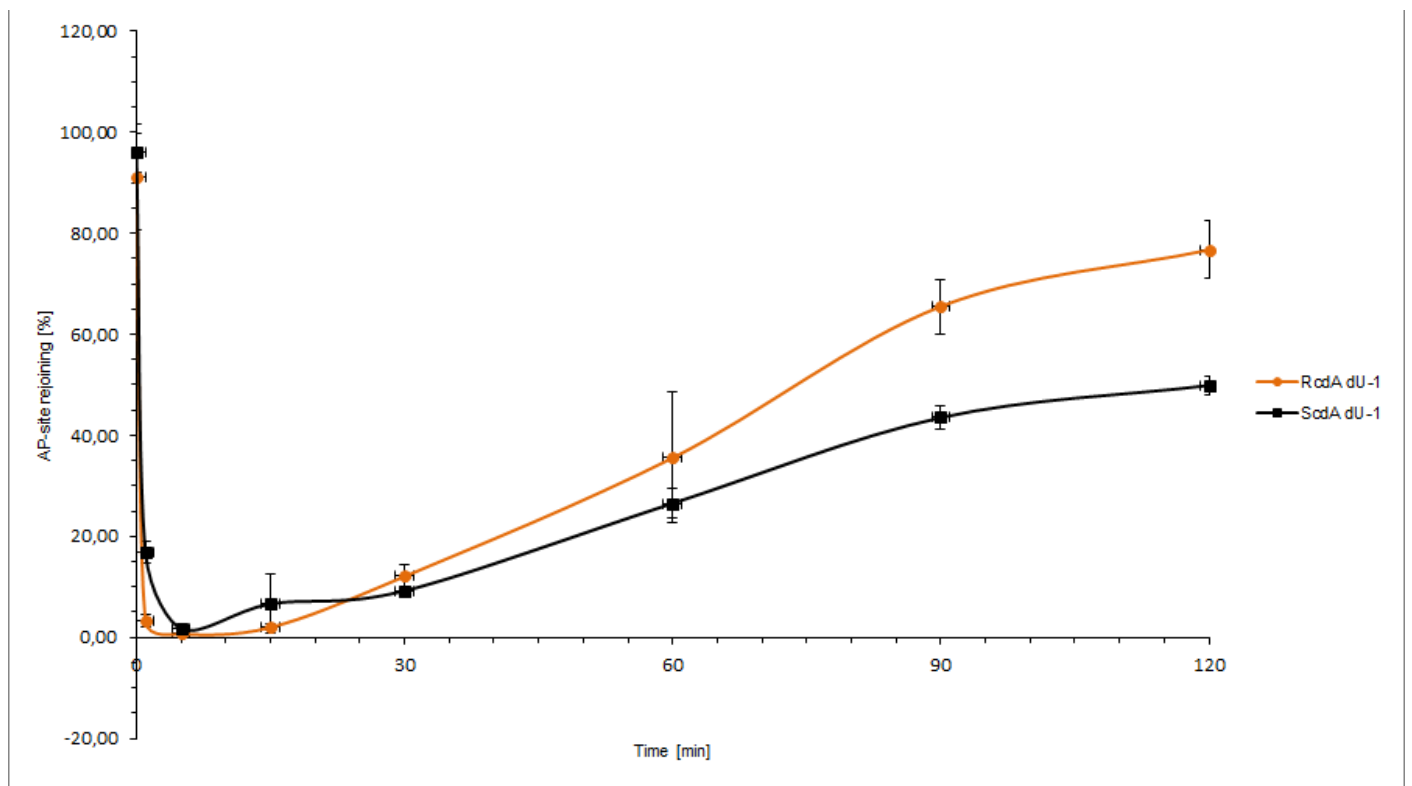
* rejected values

RcdA		Time [min]							
		0	1	5	15	30	60	90	120
Strand	Data set	Polymerase activity [%]							
dU0	1.	2,20	5,38	2,98	3,62	1,67	2,54	2,18	2,40
	2.	1,53	5,51	3,94	5,66	4,44	6,11	4,22	2,82
	3.	1,11	8,82	6,21	4,46	4,39	5,52	5,08	6,17
	Avg	1,61	6,57	4,38	4,58	3,50	4,72	3,83	3,80
	SD	0,55	1,95	1,66	1,03	1,59	1,91	1,49	2,07
dU-5	1.	2,01	11,51	27,65	47,36	59,61	75,34	86,49	84,99
	2.	2,51	10,83	20,62	47,15	63,18	75,50	79,36	79,50
	3.	3,11	10,42	28,76	53,95	67,56	78,22	83,87	84,82
	Avg	2,54	10,92	25,68	49,49	63,45	76,35	83,24	83,10
	SD	0,55	0,55	4,41	3,87	3,98	1,62	3,61	3,12
dU-5/+5	1.	0,95	3,68	10,43	20,28	23,09	34,48	36,86	39,76
	2.	1,92	10,14	10,46	22,49	28,74	29,12	37,80	39,09
	3.	1,82	8,49	16,62	24,87	31,03	35,54	41,93	44,75
	Avg	1,56	7,44	12,50	22,55	27,62	33,05	38,86	41,20
	SD	0,53	3,36	3,56	2,30	4,08	3,44	2,70	3,09
dU+5	1.	4,49	3,62	9,52	13,44	19,00	30,48	40,51	42,29
	2.	0,03	0,02	0,02	14,54	15,44	25,30	30,84	27,77
	3.	2,61	5,23	6,51	10,94	17,02	28,88	35,64	49,11
	Avg	2,38	2,96	5,35	12,98	17,15	28,22	35,66	39,72
	SD	2,24	2,67	4,85	1,85	1,78	2,65	4,84	10,90
dU-1	1.	3,56	15,15	31,34	48,02	41,63	39,47	22,74	15,27
	2.	0,87	14,35	30,69	42,64	42,19	32,44	17,86	10,05
	3.	0,75	14,60	28,19	43,13	44,38	31,86	17,54	10,79
	Avg	1,73	14,70	30,07	44,60	42,73	34,59	19,38	12,03
	SD	1,59	0,41	1,66	2,98	1,45	4,23	2,91	2,82
dU-4	1.	1,33	15,89	25,55	42,37	50,26	62,02	69,55	69,37
	2.	1,30	9,25	25,60	41,32	50,42	63,19	69,94	70,74
	3.	2,11	8,89	24,67	34,69	57,52	68,33	68,62	62,73
	Avg	1,58	11,34	25,27	39,46	52,74	64,51	69,37	67,61
	SD	0,46	3,94	0,53	4,17	4,15	3,36	0,68	4,28
dU+1	1.	3,03	9,50	9,77	4,31	4,45	2,23	1,15	0,70
	2.	2,53	6,39	5,41	3,28	2,69	2,57	1,56	0,89
	3.	2,70	7,43	7,12	4,64	4,82	3,04	1,97	1,04
	Avg	2,75	7,77	7,43	4,07	3,98	2,61	1,56	0,88
	SD	0,25	1,58	2,20	0,71	1,14	0,41	0,41	0,17
dU+4	1.	8,27	3,64	8,13	19,01	25,64	44,43	58,73	55,51
	2.	4,72	6,11	11,98	19,19	29,04	42,22	49,45	48,92
	3.	3,84	7,82	16,15	18,24	27,02	38,71	42,87	49,96
	Avg	5,61	5,86	12,08	18,81	27,23	41,79	50,35	51,47
	SD	2,34	2,10	4,01	0,51	1,71	2,88	7,97	3,54

* rejected values







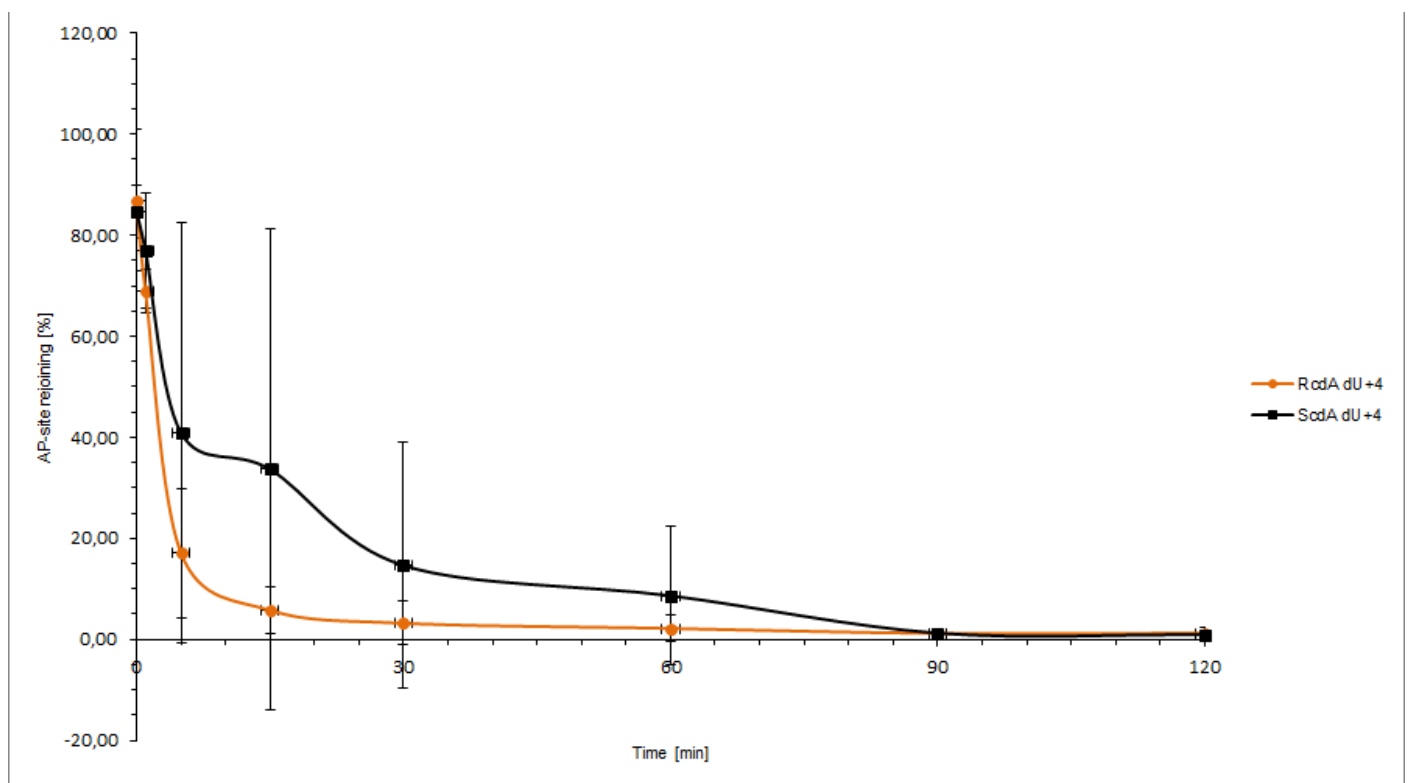
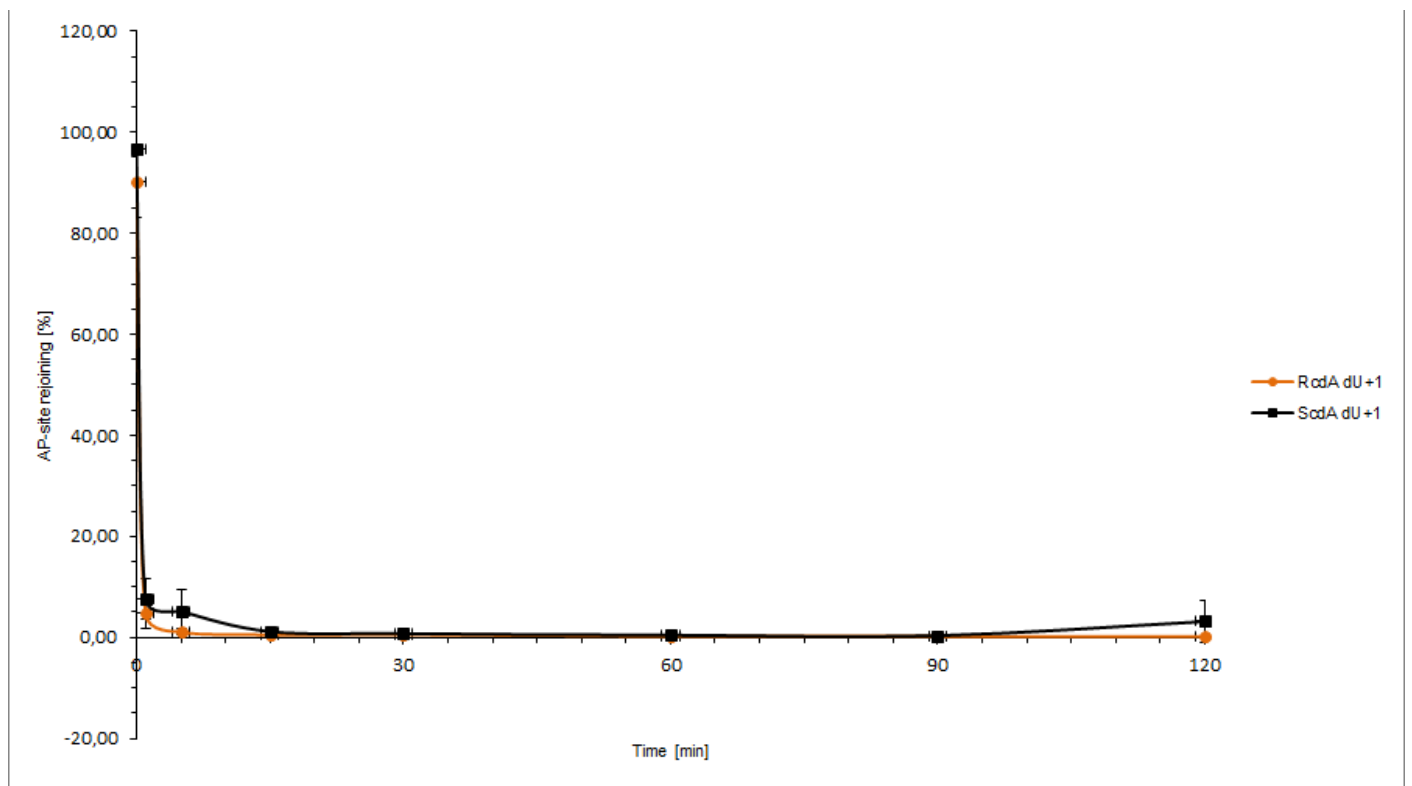
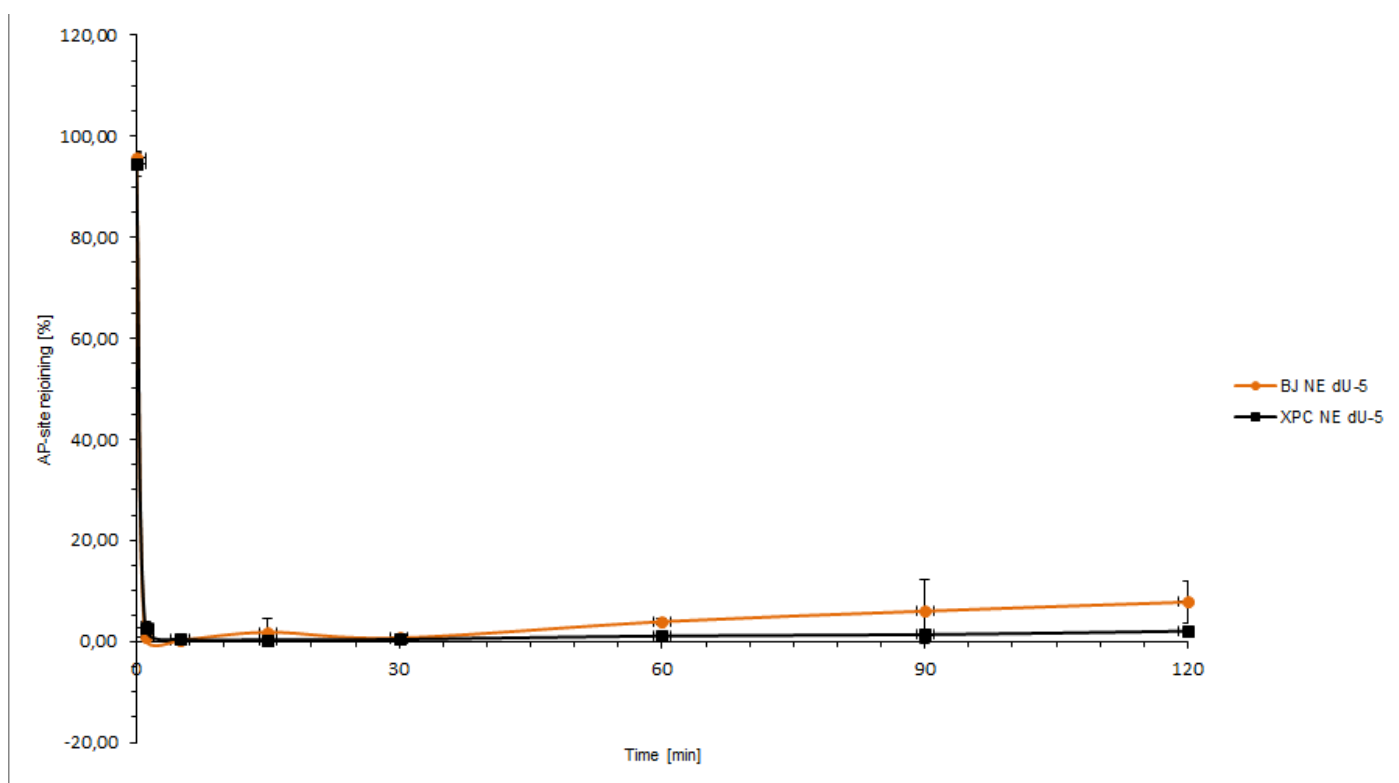
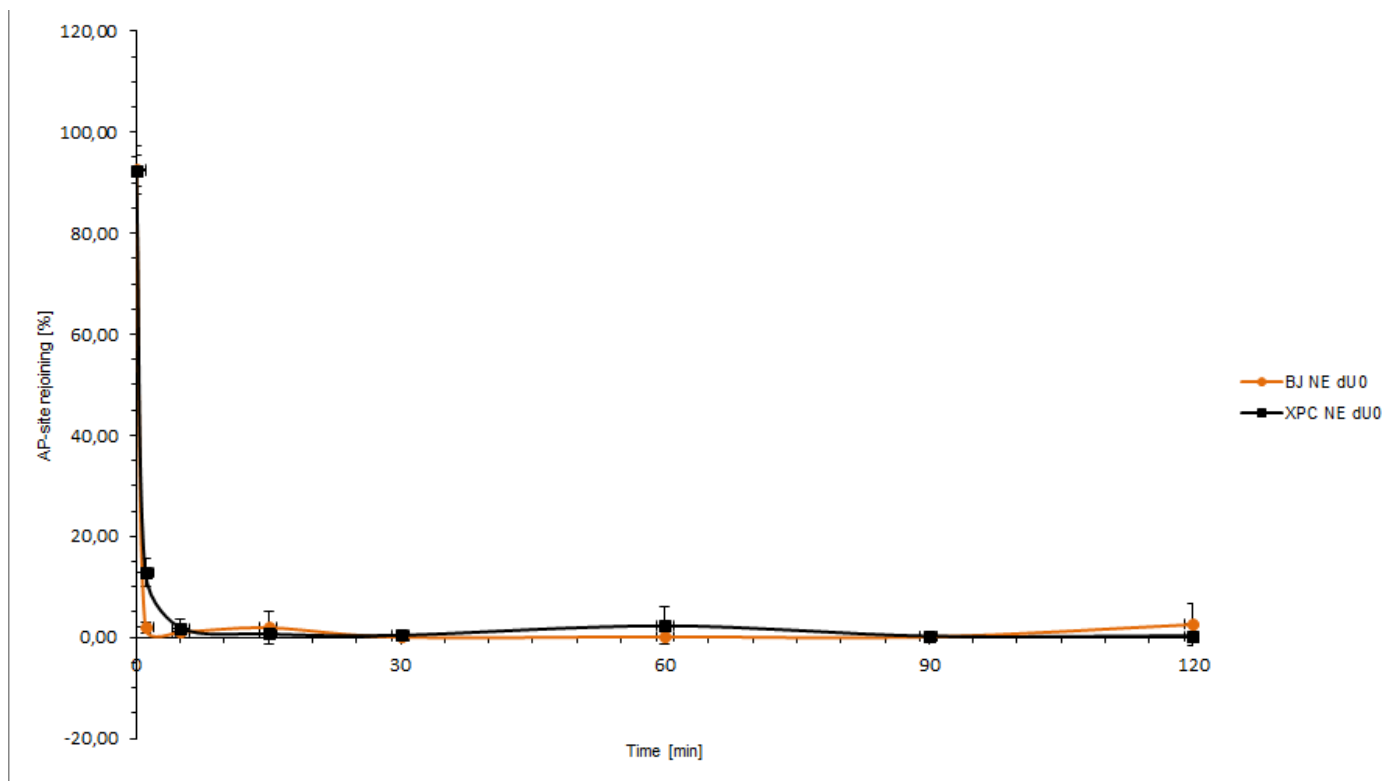
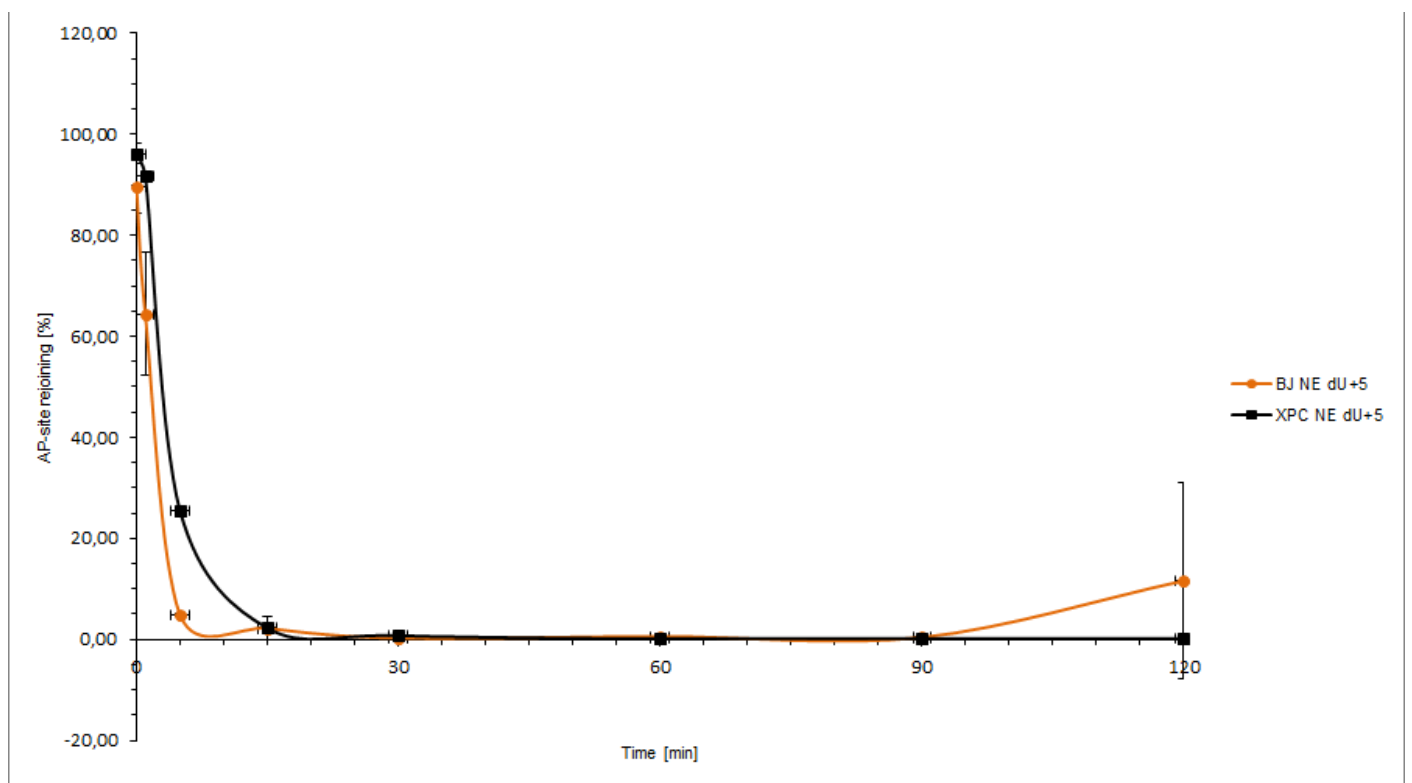
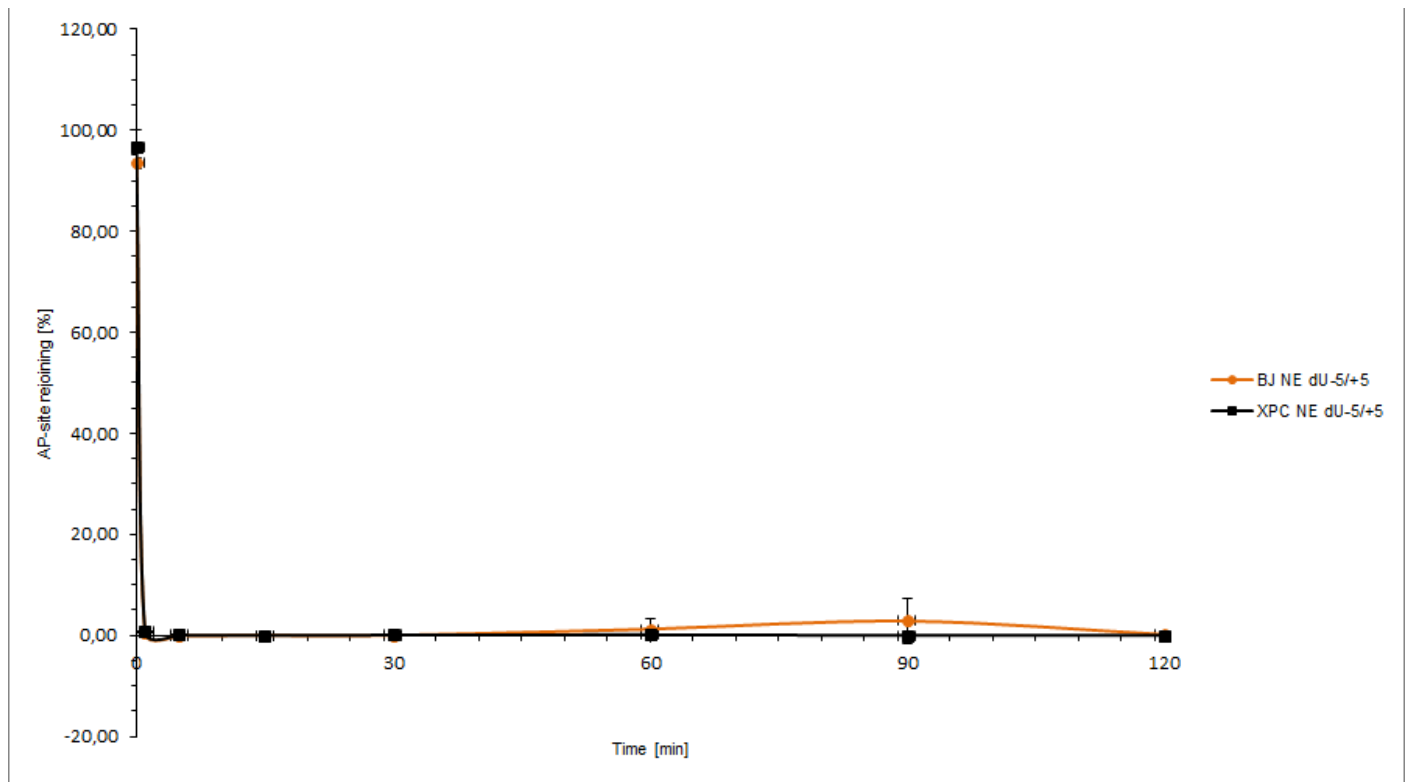
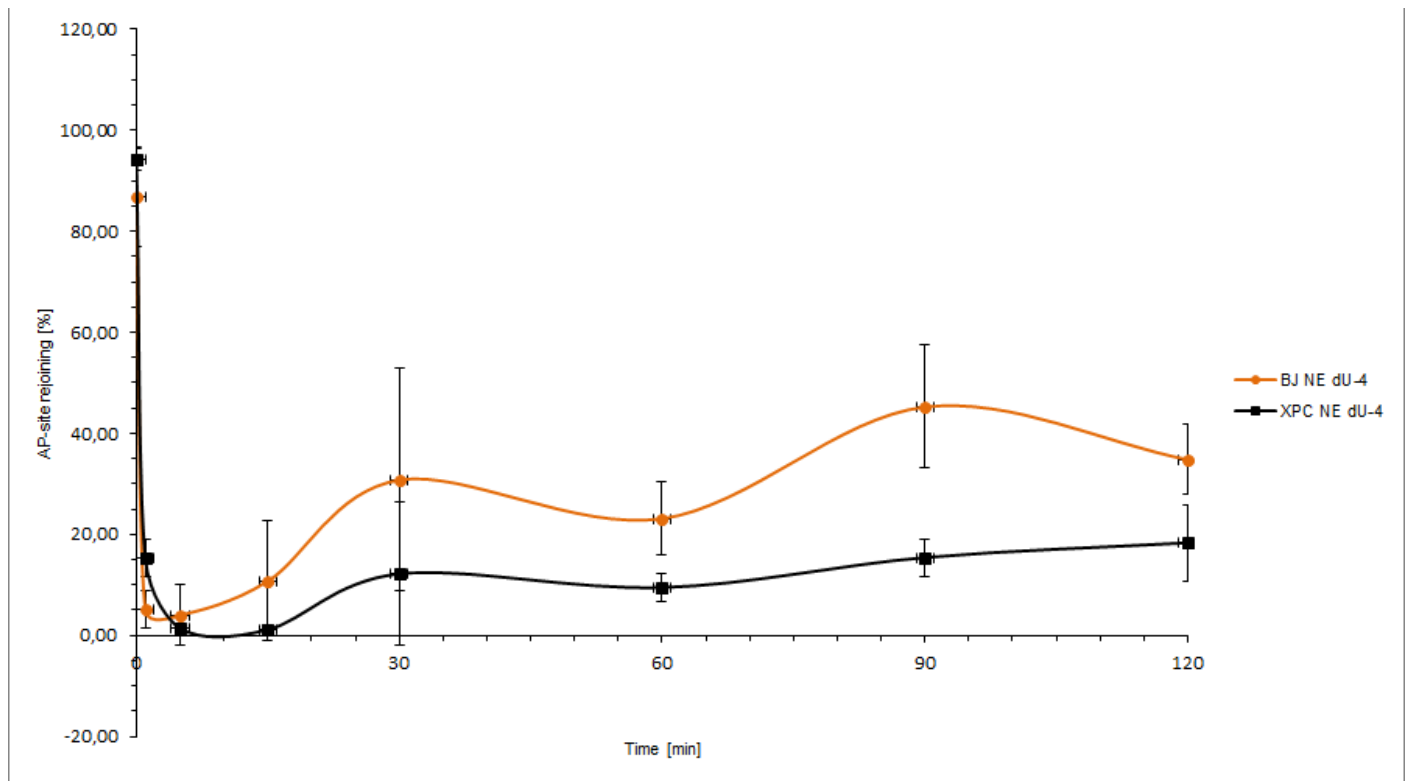
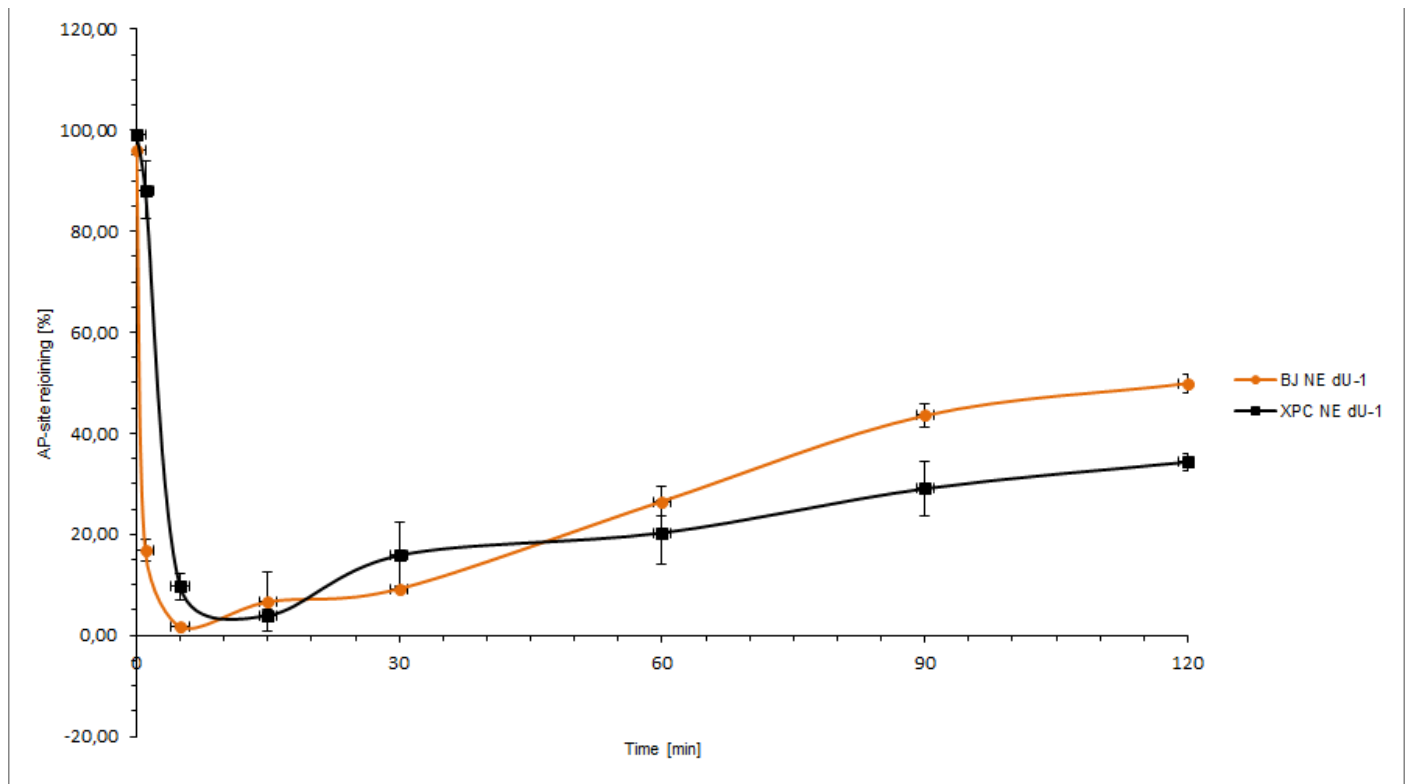


Figure S12. AP site rejoining [%] of ScdA vs. RcdA – comparison of individual strands – BJ Nuclear Extract.







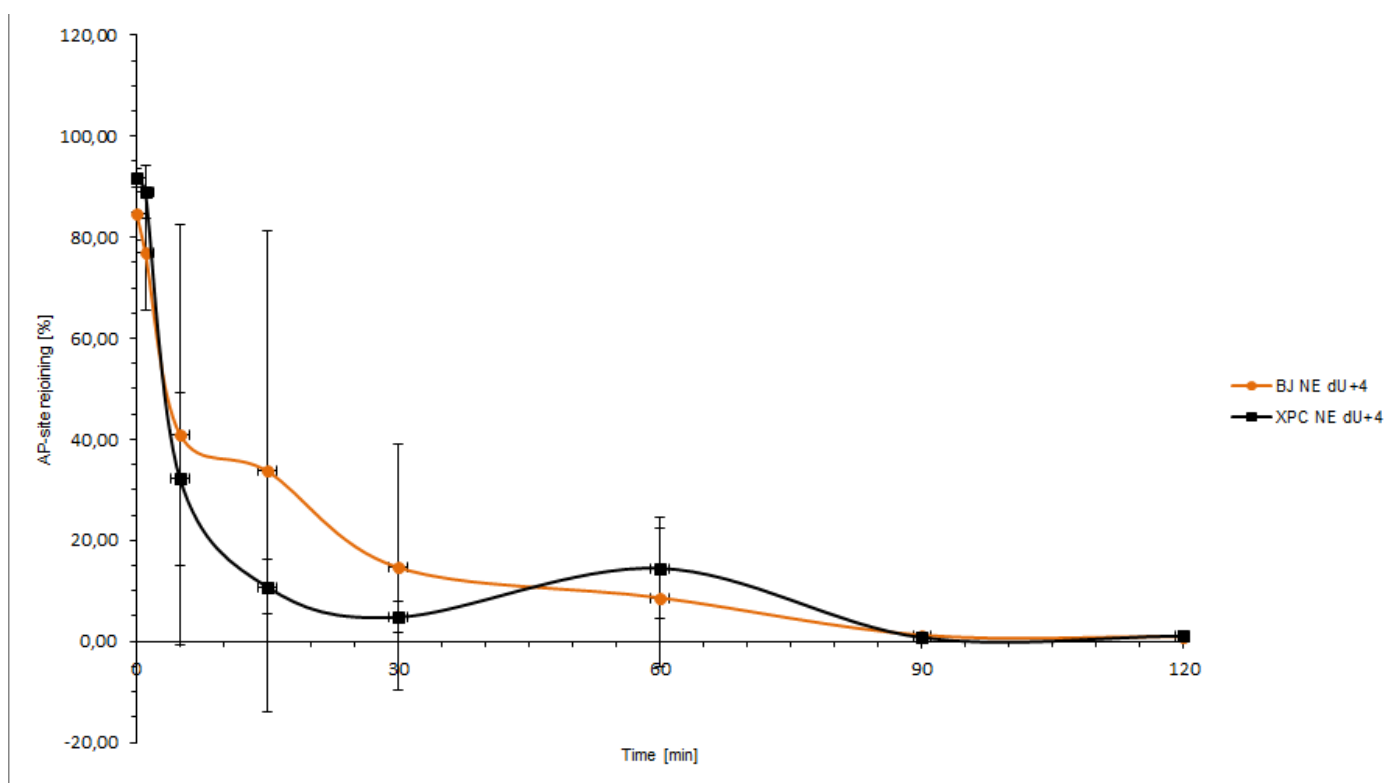
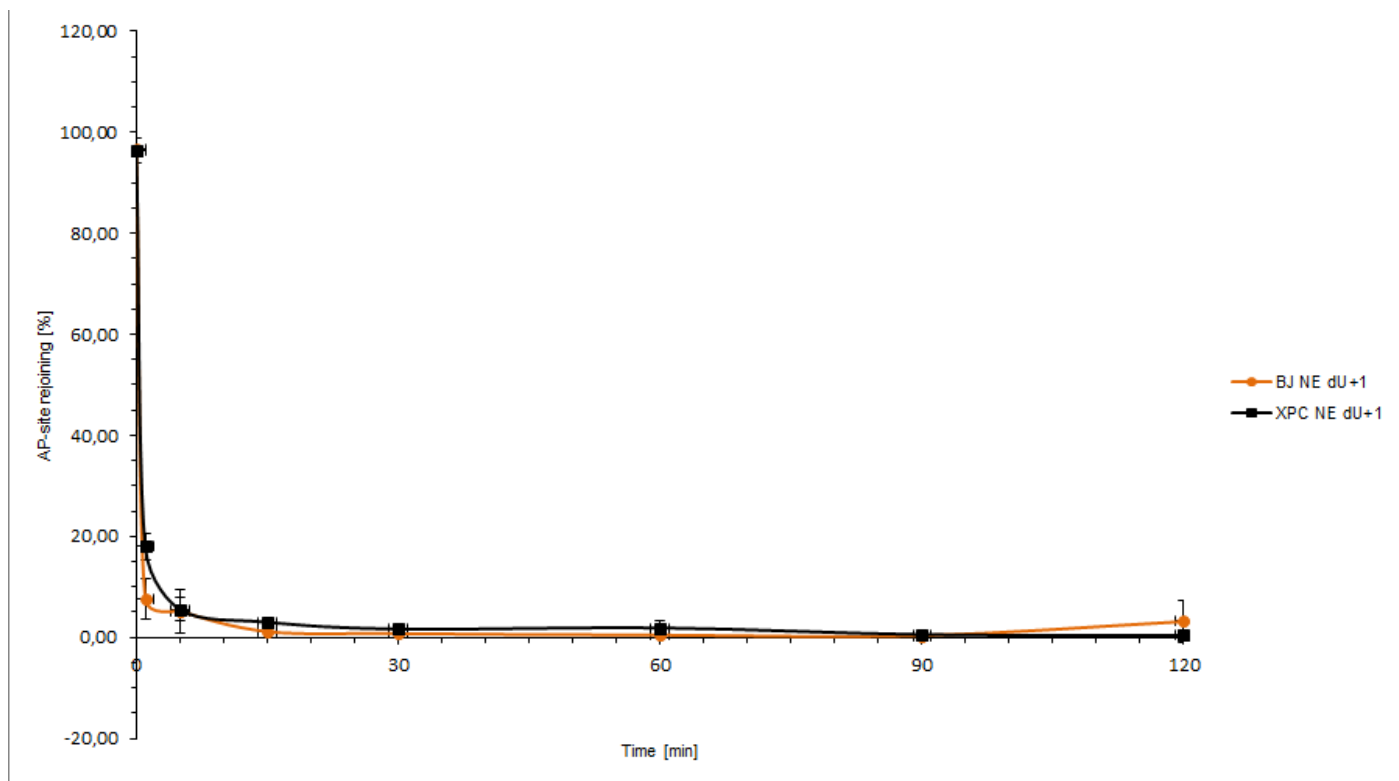
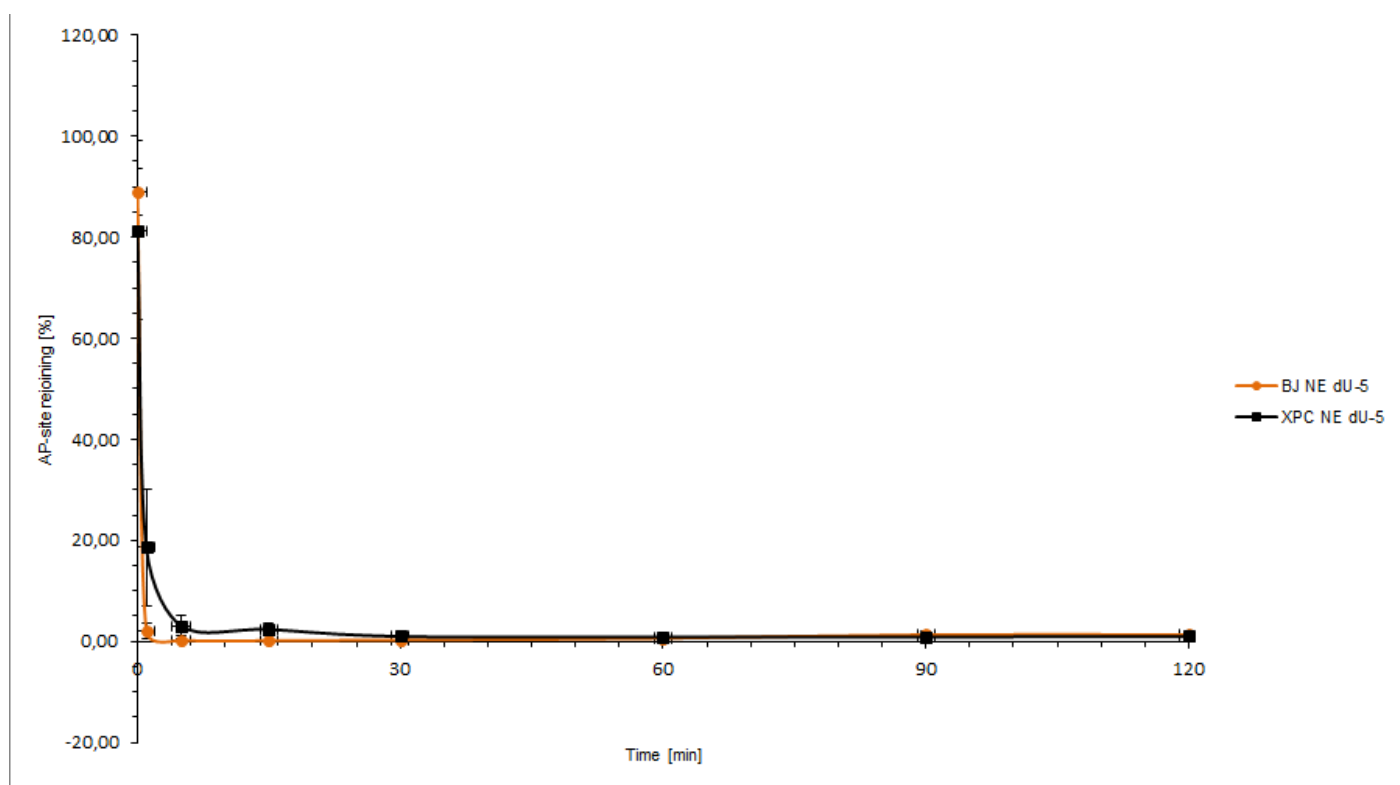
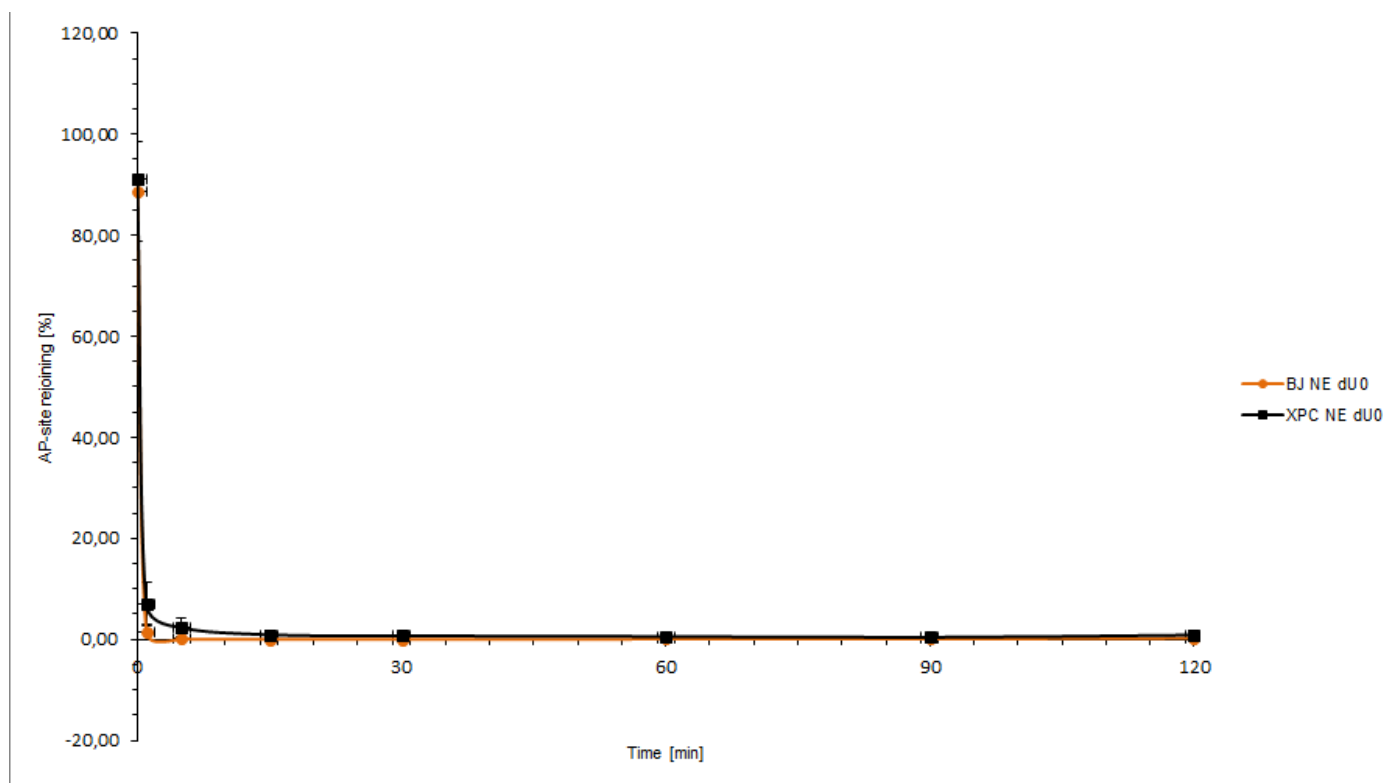
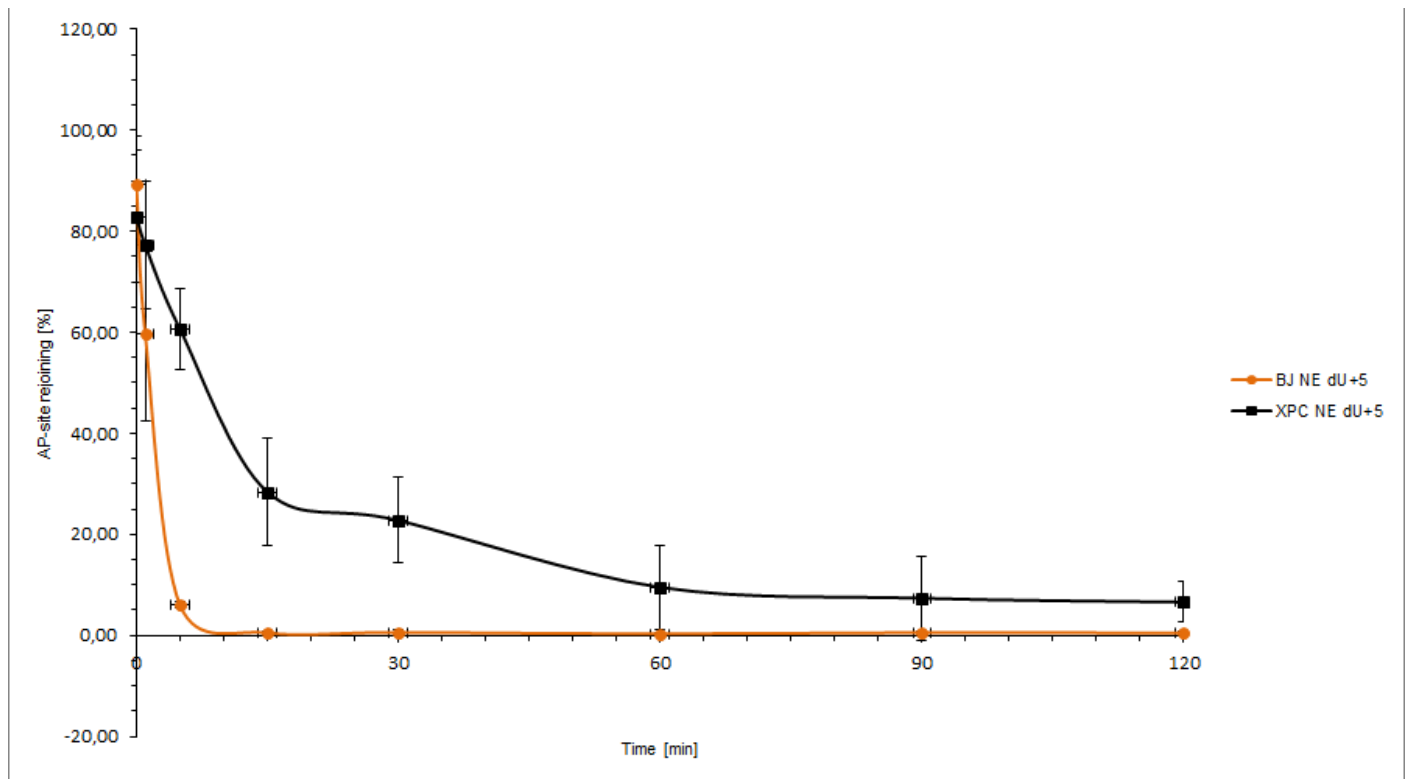
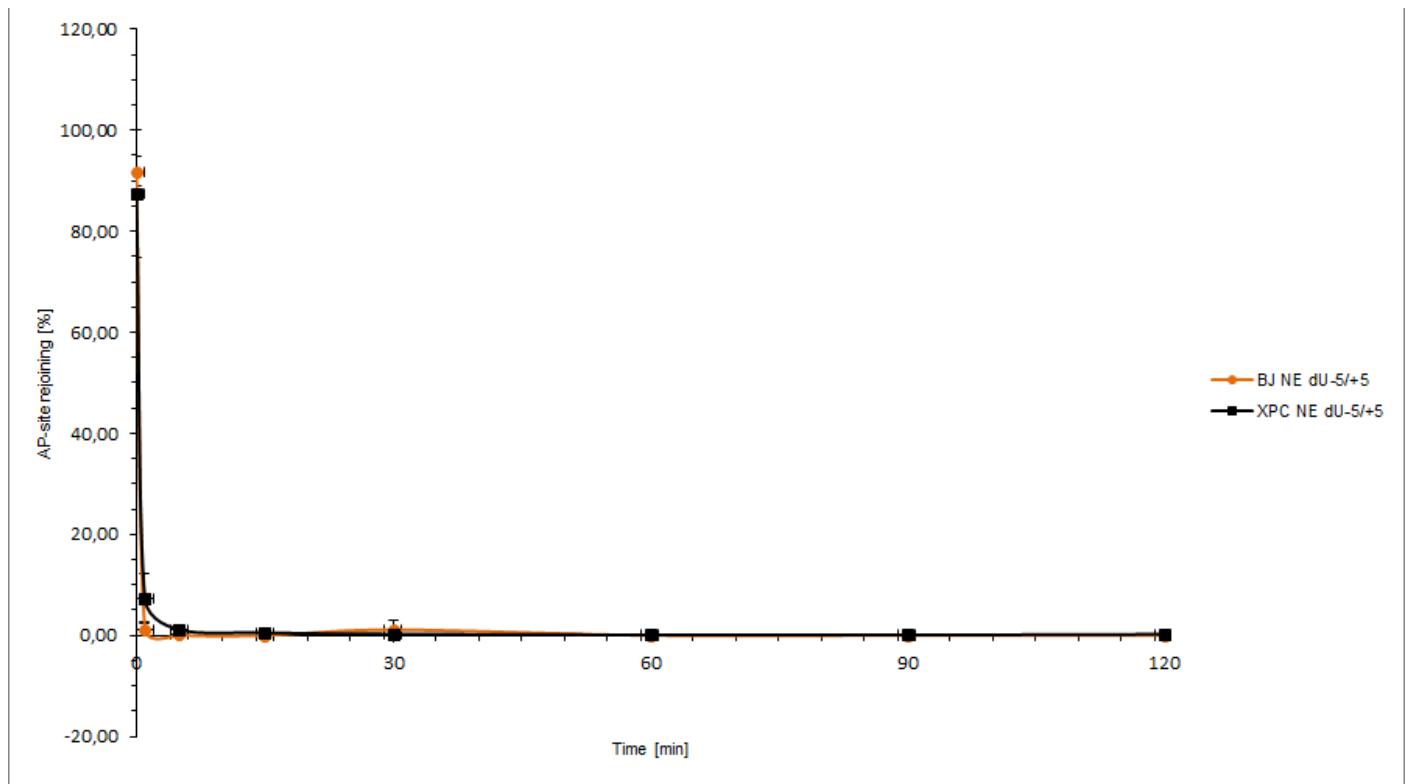
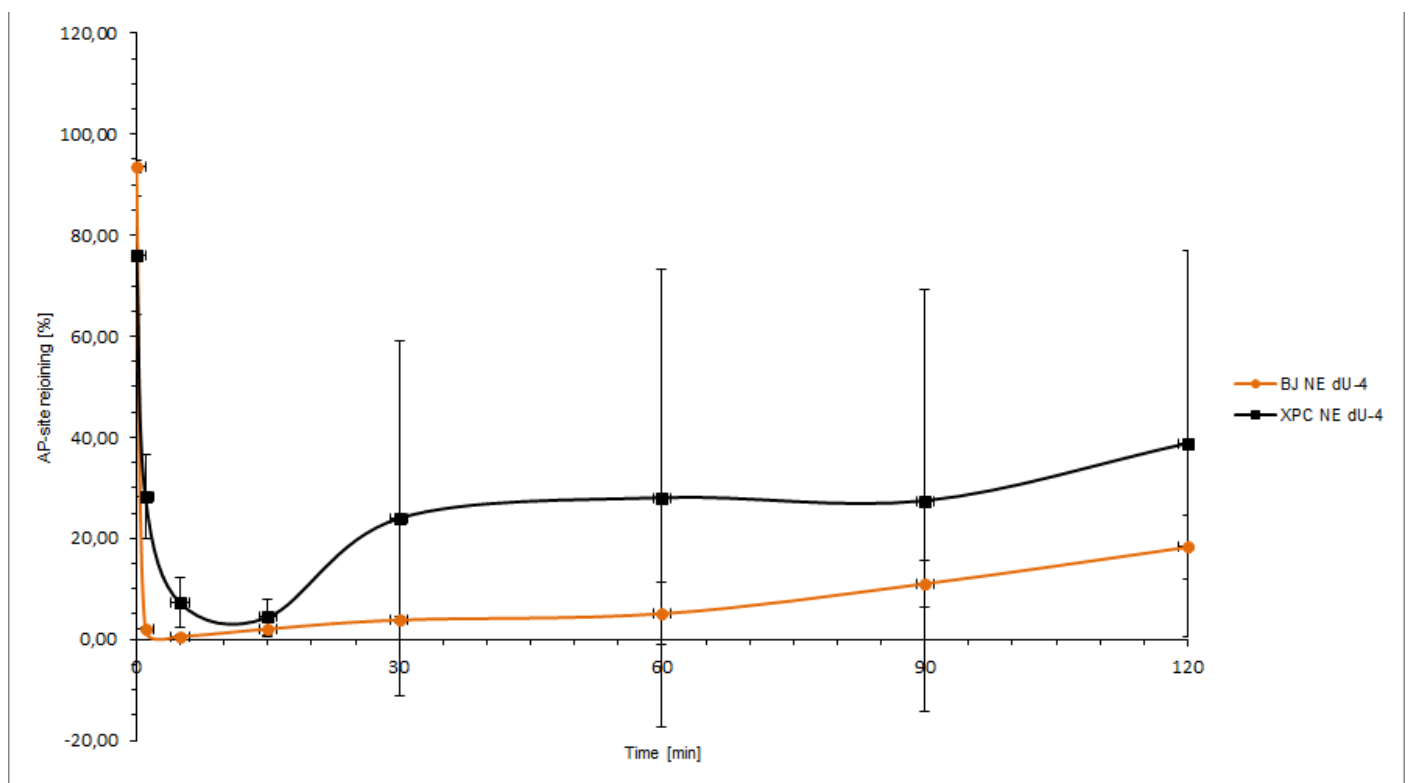
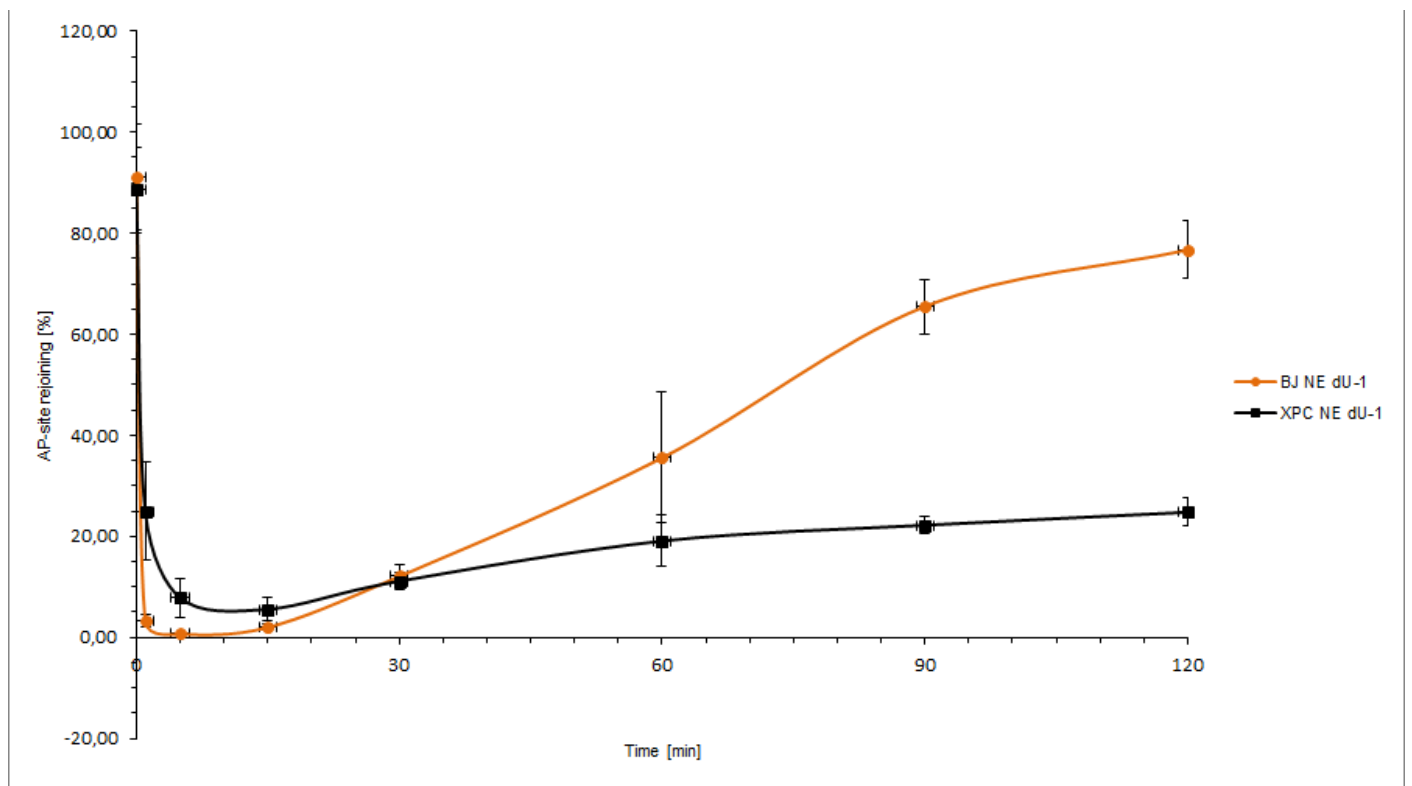


Figure S13. AP site rejoining [%] of BJ vs. XPC – comparison of individual strands – ScdA Nuclear Extract.







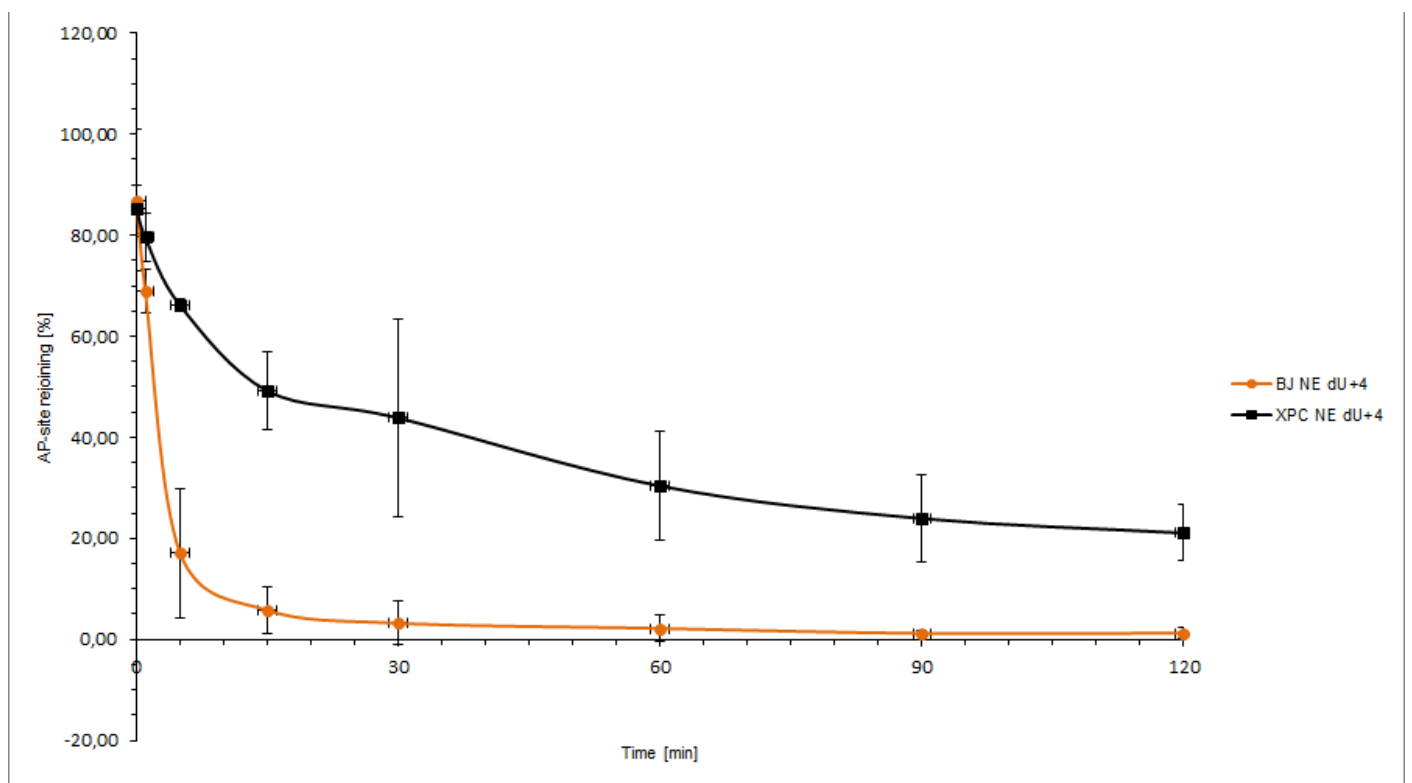
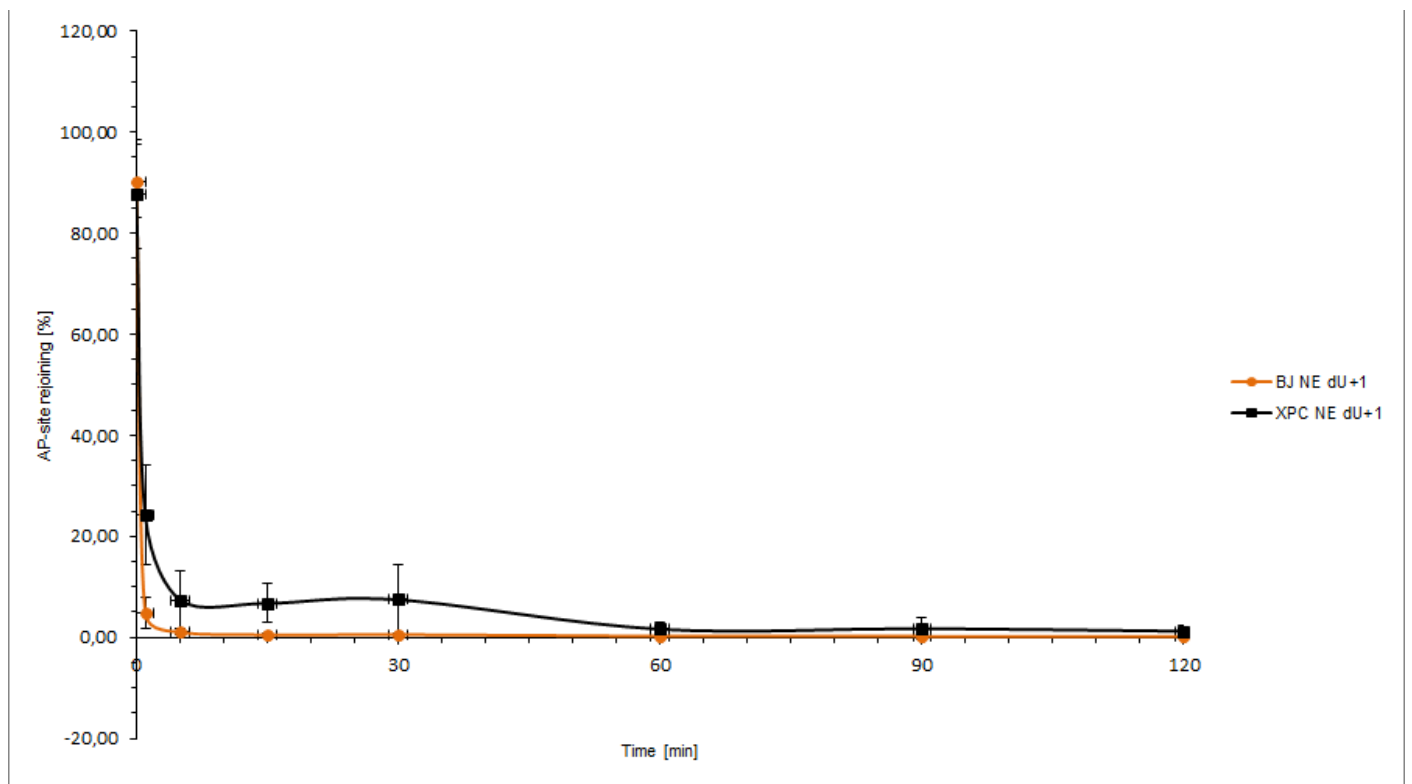


Figure S14. AP site rejoining [%] of BJ vs. XPC – comparison of individual strands – RcdA Nuclear Extract.