**Supplementary file 2 Let-7 target HMGA2 3'UTR:**

GGGGCGCCAACGTTCGATTTCTACCTCAGCAGCAGTTGGATCTTTTGAAGGGAGAAGACACTGCAGTGACCACTTATTCTGTATTGCCATGGTCTTTCCACTTTCATCTGGGGTGGGGTGGGGTGGGGTGGGGGAGGGGGGGGTGGGGTGGGGAGAAATCACATAACCTTAAAAAGGACTATATTAATCACCTTCTTTGTAATCCCTTCACAGTCCCAGGTTTAGTGAAAAACTGCTGTAAACACAGGGGACACAGCTTAACAATGCAACTTTTAATTACTGTTTTCTTTTTTCTTAACCTACTAATAGTTTGTTGATCTGATAAGCAAGAGTGGGCGGGTGAGAAAAACCGAATTGGGTTTAGTCAATCACTGCACTGCATGCAAACAAGAAACGTGTCACACTTGTGACGTCGGGCATTCATATAGGAAGAACGCGGTGTGTAACACTGTGTACACCTCAAATACCACCCCAACCCACTCCCTGTAGTGAATCCTCTGTTTAGAACACCAAAGATAAGGACTAGATACTACTTTCTCTTTTTCGTATAATCTTGTAGACACTTACTTGATGATTTTTAACTTTTTATTTCTAAATGAGACGAAATGCTGATGTATCCTTTCATTCAGCTAACAAACTAGAAAAGGTTATGTTCATTTTTCAAAAAGGGAAGTAAGCAAACAAATATTGCCAACTCTTCTATTTATGGATATCACACATATCAGCAGGAGT*AATAAA*TTTACTCACAGCACTTGTTTTCAGGACAACACTTCATTTTCAGGAAATCTACTTCCTACAGAGCCAAAATGCCATTTAGCAATAAATAACACTTGTCAGCCTCAGAGCATTTAAGGAAACTAGACAAGTAAAATTATCCTCTTTGTAATTTAATGAAAAGGTACAACAGAATAATGCATGATGAACTCACCTAATTATGAGGTGGGAGGAGCGAAATCTAAATTTCTTTTGCTATAGTTATACATCAATTTAAAAAGCAAAAAAAAAAAAGGGGGGGGCAATCTCTCTCTGTGTCTTTCTCTCTCTCTCTTCCTCTCCCTCTCTCTTTTCATTGTGTATCAGTTTCCATGAAAGACCTGAATACCACTTACCTCAAATTAAGCATATGTGTTACTTCAAGTAATACGTTTTGACATAAGATGGTTGACCAAGGTGCTTTTCTTCGGCTTGAGTTCACCATCTCTTCATTCAAACTGCACTTTTAGCCAGAGATGCAATATATCCCCACTACTCAATACTACCTCTGAATGTTACAACGAATTTACAGTCTAGTACTTATTACATGCTGCTATACACAAGCAATGCAAGAAAAAAACTTACTGGGTAGGTGATTCTAATCATCTGCAGTTCTTTTTGTACACTTAATTACAGTTAAAGAAGCAATCTCCTTACTGTGTTTCAGCATGACTATGTATTTTTCTATGTTTTTTTAATTAAAAATTTTTAAAATACTTGTTTCAGCTTCTCTGCTAGATTTCTACATTAACTTGAAAATTTTTTAACCAAGTCGCTCCTAGGTTCTTAAGGATAATTTTCCTCAATCACACTACACATCACACAAGATTTGACTGTAATATTTAAATATTACCCTCCAAGTCTGTACCTCAAATGAATTCTTTAAGGAGATGGACTAATTGACTTGCAAAGACCTACCTCCAGACTTCAAAAGGAATGAACTTGTTACTTGCAGCATTCATTTGTTTTTTCAATGTTTGAAATAGTTCAAACTGCAGCTAACCCTAGTCAAAACTATTTTTGTAAAAGACATTTGATAGAAAGGAACACGTTTTTACATACTTTTGCAAAATAAGTAAATAATAAATAAAATAAAAGCCAACCTTCAAAGAAACTTGAAGCTTTGTAGGTGAGATGCAACAAGCCCTGCTTTTGCATAATGCAATCAAAAATATGTGTTTTTAAGATTAGTTGAATATAAGAAAATGCTTGACAAATATTTTCATGTATTTTACACAAATGTGATTTTTGTAATATGTCTCAACCAGATTTATTTTAAACGCTTCTTATGTAGAGTTTTTATGCCTTTCTCTCCTAGTGAGTGTGCTGACTTTTTAACATGGTATTATCAACTGGGCCAGGAGGTAGTTTCTCATGACGGCTTTTGTCAGTATGGCTTTTAGTACTGAAGCCAAATGAAACTCAAAACCATCTCTCTTCCAGCTGCTTCAGGGAGGTAGTTTCAAAGGCCACATACCTCTCTGAGACTGGCAGATCGCTCACTGTTGTGAATCACCAAAGGAGCTATGGAGAGAATTAAAACTCAACATTACTGTTAACTGTGCGTTAAATAAGCAAATAAACAGTGGCTCATAAAAATAAAAGTCGCATTCCATATCTTTGGATGGGCCTTTTAGAAACCTCATTGGCCAGCTCATAAAATGGAAGCAATTGCTCATGTTGGCCAAACATGGTGCACCGAGTGATTTCCATCTCTGGTAAAGTTACACTTTTATTTCCTGTATGTTGTACAATCAAAACACACTACTACCTCTTAAGTCCCAGTATACCTCATTTTTCATACTGAAAAAAAAAGCTTGTGGCCAATGGAACAGTAAGAACATCATAAAATTTTTATATATATAGTTTATTTTTGTGGGAGATAAATTTTATAGGACTGTTCTTTGCTGTTGTTGGTCGCAGCTACATAAGACTGGACATTTAACTTTTCTACCATTTCTGCAAGTTAGGTATGTTTGCAGGAGAAAAGTATCAAGACGTTTAACTGCAGTTGACTTTCTCCCTGTTCCTTTGAGTGTCTTCTAACTTTATTCTTTGTTCTTTATGTAGAATTGCTGTCTATGATTGTACTTTGAATCGCTTGCTTGTTGAAAATATTTCTCTAGTGTATTATCACTGTCTGTTCTGCACAATAAACATAACAGCCTCTGTGATCCCCATGTGTTTTGATTCCTGCTCTTTGTTACAGTTCCATTAAATGAGTAATAAAGTTTGGTCAAAACAGAAAAAAAAAAA

**HMGA2 mutant**

GGGGCGCCAACGTTCGATTTCTACCTCAGCAGCAGTTGGATCTTTTGAAGGGAGAAGACACTGCAGTGACCACTTATTCTGTATTGCCATGGTCTTTCCACTTTCATCTGGGGTGGGGTGGGGTGGGGTGGGGGAGGGGGGGGTGGGGTGGGGAGAAATCACATAACCTTAAAAAGGACTATATTAATCACCTTCTTTGTAATCCCTTCACAGTCCCAGGTTTAGTGAAAAACTGCTGTAAACACAGGGGACACAGCTTAACAATGCAACTTTTAATTACTGTTTTCTTTTTTCTTAACCTACTAATAGTTTGTTGATCTGATAAGCAAGAGTGGGCGGGTGAGAAAAACCGAATTGGGTTTAGTCAATCACTGCACTGCATGCAAACAAGAAACGTGTCACACTTGTGACGTCGGGCATTCATATAGGAAGAACGCGGTGTGTAACACTGTGTACACCTCAAATACCACCCCAACCCACTCCCTGTAGTGAATCCTCTGTTTAGAACACCAAAGATAAGGACTAGATACTACTTTCTCTTTTTCGTATAATCTTGTAGACACTTACTTGATGATTTTTAACTTTTTATTTCTAAATGAGACGAAATGCTGACAGCTCCTTTCATTCAGCTAACAAACTAGAAAAGGTTATGTTCATTTTTCAAAAAGGGAAGTAAGCAAACAAATATTGCCAACTCTTCTATTTATGGATATCACACATATCAGCAGGAGT*AATAAA*TTTACTCACAGCACTTGTTTTCAGGACAACACTTCATTTTCAGGAAATCTACTTCCTACAGAGCCAAAATGCCATTTAGCAATAAATAACACTTGTCAGCCTCAGAGCATTTAAGGAAACTAGACAAGTAAAATTATCCTCTTCAGCATTTAATGAAAAGGTACAACAGAATAATGCATGATGAACTCACCTAATTATGAGGTGGGAGGAGCGAAATCTAAATTTCTTTTGCTATAGTTATACATCAATTTAAAAAGCAAAAAAAAAAAAGGGGGGGGCAATCTCTCTCTGTGTCTTTCTCTCTCTCTCTTCCTCTCCCTCTCTCTTTTCATTGTGTATCAGTTTCCATGAAAGACCTGAATACCACTTACCTCAAATTAAGCATATGTGTTACTTCAAGTAATACGTTTTGACATAAGATGGTTGACCAAGGTGCTTTTCTTCGGCTTGAGTTCACCATCTCTTCATTCAAACTGCACTTTTAGCCAGAGATGCAATATATCCCCACTACTCAATACTACCTCTGAATGTTACAACGAATTTACAGTCTAGTACTTATTACATGCTGCTATACACAAGCAATGCAAGAAAAAAACTTACTGGGTAGGTGATTCTAATCATCTGCAGTTCTTTTTGTACACTTAATTACAGTTAAAGAAGCAATCTCCTTACTGTGTTTCAGCATGACTATGTATTTTTCTATGTTTTTTTAATTAAAAATTTTTAAAATACTTGTTTCAGCTTCTCTGCTAGATTTCTACATTAACTTGAAAATTTTTTAACCAAGTCGCTCCTAGGTTCTTAAGGATAATTTTCCTCAATCACACTACACATCACACAAGATTTGACTGTAATATTTAAATATTACCCTCCAAGTCTGTACCTCAAATGAATTCTTTAAGGAGATGGACTAATTGACTTGCAAAGACCTACCTCCAGACTTCAAAAGGAATGAACTTGTTACTTGCAGCATTCATTTGTTTTTTCAATGTTTGAAATAGTTCAAACTGCAGCTAACCCTAGTCAAAACTATTTTTGTAAAAGACATTTGATAGAAAGGAACACGTTTTTACATACTTTTGCAAAATAAGTAAATAATAAATAAAATAAAAGCCAACCTTCAAAGAAACTTGAAGCTTTGTAGGTGAGATGCAACAAGCCCTGCTTTTGCATAATGCAATCAAAAATATGTGTTTTTAAGATTAGTTGAATATAAGAAAATGCTTGACAAATATTTTCATGTATTTTACACAAATGTGATTTTTGTAATATGTCTCAACCAGATTTATTTTAAACGCTTCTTATGTAGAGTTTTTATGCCTTTCTCTCCTAGTGAGTGTGCTGACTTTTTAACATGGTATTATCAACTGGGCCAGGAGGTAGTTTCTCATGACGGCTTTTGTCAGTATGGCTTTTAGTACTGAAGCCAAATGAAACTCAAAACCATCTCTCTTCCAGCTGCTTCAGGGAGGTAGTTTCAAAGGCCACATACCTCTCTGAGACTGGCAGATCGCTCACTGTTGTGAATCACCAAAGGAGCTATGGAGAGAATTAAAACTCAACATTACTGTTAACTGTGCGTTAAATAAGCAAATAAACAGTGGCTCATAAAAATAAAAGTCGCATTCCATATCTTTGGATGGGCCTTTTAGAAACCTCATTGGCCAGCTCATAAAATGGAAGCAATTGCTCATGTTGGCCAAACATGGTGCACCGAGTGATTTCCATCTCTGGTAAAGTTACACTTTTATTTCCTGTATGTTGTACAATCAAAACACACTACTACCTCTTAAGTCCCAGTATACCTCATTTTTCATACTGAAAAAAAAAGCTTGTGGCCAATGGAACAGTAAGAACATCATAAAATTTTTATATATATAGTTTATTTTTGTGGGAGATAAATTTTATAGGACTGTTCTTTGCTGTTGTTGGTCGCAGCTACATAAGACTGGACATTTAACTTTTCTACCATTTCTGCAAGTTAGGTATGTTTGCAGGAGAAAAGTATCAAGACGTTTAACTGCAGTTGACTTTCTCCCTGTTCCTTTGAGTGTCTTCTAACTTTATTCTTTGTTCTTTATGTAGAATTGCTGTCTATGATTGTACTTTGAATCGCTTGCTTGTTGAAAATATTTCTCTAGTGTATTATCACTGTCTGTTCTGCACAATAAACATAACAGCCTCTGTGATCCCCATGTGTTTTGATTCCTGCTCTTTGTTACAGTTCCATTAAATGAGTAATAAAGTTTGGTCAAAACAGAAAAAAAAAAA

Poly(A) tail signal sequence (PAS: AATAAA) and Nudt21 recognition sites (TGTA) are underlined. The *Let-7* binding sites are highlighted in yellow.