Table SI. Reverse transcription-quantitative PCR primer sequences.

Gene	Primer, forward (5'→3')	Primer, reverse (5'→3')
Notch1	GATGGCCTCAATGGGTACAAG	TCGTTGTTGTTGATGTCACAGT
Notch2	GAGAAAAACCGCTGTCAGAATGG	GGTGGAGTATTGGCAGTCCTC
Notch3	AGTGCCGATCTGGTACAACTT	CACTACGGGGTTCTCACACA
Notch4	GCGGAGGCAGGGTCTCAACGGATG	AGGAGGCGGGATCGGAATGT
Jagged1	AACTGGTACCGGTGCGAA	TGATGCAAGATCTCCCTGAAAC
Jagged2	TGGGCGGCAACTCCTTCTA	GCCTCCACGATGAGGGTAAA
DLL1	TGGCCAGGTACCTTCTCTCT	TCTTTCTGGGTTTTCTGTTGC
DLL3	GTGACGGTGTTGATGGTAAGAT	AGCTCCACAGAGTGTTCCTTG
Hey1	GAAAAGACGGAGAGGCATCA	AGCAGATCCCTGCTTCTCAA
Hes1	CGACACCGGAAACCAAA	GAATGTCTGCCTTCTCCAGCTT
GAPDH	GCAAGAGAGAGGCCCTCAG	TGTGAGGGAGATGCTCAGTG

Table SII. Calculation of wound width.

	Control						0.1 mM PA						0.25 mM PA						0.5 mM PA					
Time, h	0	12	24	36	48	72	0	12	24	36	48	72	0	12	24	36	48	72	0	12	24	36	48	72
LX2	1	0.78±0.04	0.79±0.01	0.73±0.04	0.64±0.05	0.54±0.06	1	0.83±0.02	0.83±0.01	0.70±0.05	0.69±0.05	0.67±0.08	1	0.79±0.03	0.77±0.05	0.71±0.03	0.70±0.03	0.67±0.02	1	0.78±0.03	0.78±0.03	0.73±0.02	0.69±0.03	0.64±0.03
Huh7	1	0.82±0.01	0.67±0.04	0.65±0.03	0.55±0.05	0.53±0.03	1	0.84±0.02	0.73±0.01	0.62±0.07	0.60±0.08	0.45±0.08	1	0.76±0.03	0.71±0.01	0.65±0.01	0.56±0.02	0.51±0.03	1	0.91±0.05	0.91±0.08	0.79±0.03	0.63±0.01	0.62±0.01
MIHA	1	0.92±0.02	0.92±0.03	0.90±0.03	0.89±0.04	0.86±0.03	1	1.07±0.06	0.99±0.02	0.94±0.02	0.94±0.02	0.90±0.04	1	1.0±0.07	0.97±0.13	0.99±0.12	0.99±0.09	0.95±0.14	1	0.90±0.02	0.90±0.02	0.85±0.00	0.80±0.02	0.82±0.03

PA, palmitic acid.