

## Supplementary Table 5: Using MEME suite to generated yeast hits to FFAT motifs

### A. PWM generated by MEME

POS	A	C	D	E	F	G	H	J	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
-7	41	3	81	66	16	30	12	24	5	37	18	20	12	7	8	182	28	31	0	25
-6	28	4	99	112	8	23	8	23	5	23	7	10	8	13	4	173	54	22	0	21
-5	34	20	121	101	7	17	7	11	6	21	15	13	16	13	3	177	45	14	5	2
-4	10	2	197	122	14	20	10	12	4	27	5	34	3	8	1	126	27	23	0	2
-3	27	3	175	120	15	37	2	6	6	12	10	22	2	8	4	159	25	8	0	7
-2	38	3	207	194	1	15	4	12	7	14	9	17	5	4	2	75	25	14	0	2
-1	27	1	284	148	4	4	10	3	6	8	3	32	5	31	1	45	28	5	0	3
1	12	3	68	410	4	0	2	18	5	26	3	5	2	21	3	18	21	26	0	1
2	0	0	0	0	572	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	73
3	4	0	2	16	397	9	28	3	0	5	0	0	1	3	0	1	3	12	2	162
4	2	0	607	22	0	0	0	3	0	1	0	0	0	0	0	9	1	3	0	0
5	559	32	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	41	5	0	0
6	39	7	50	149	10	9	5	72	24	17	21	31	20	46	31	19	23	67	2	6
7	20	0	239	293	0	6	0	0	0	2	0	8	3	7	0	49	19	1	0	1
+1	83	6	77	63	43	67	14	27	8	20	6	30	6	21	4	48	35	44	1	45
+2	25	1	45	50	50	95	9	45	11	105	12	34	32	18	6	53	18	31	1	7
+3	42	4	64	105	12	35	13	24	14	51	6	37	30	26	7	95	53	17	0	11
+4	35	13	60	84	10	30	16	43	7	44	12	14	13	18	16	131	41	53	2	4
+5	39	5	62	90	28	32	7	21	22	27	13	21	96	14	11	91	32	28	1	6
+6	27	6	59	61	14	42	12	40	18	30	7	61	29	15	14	100	30	74	1	6

764 ORPs were used for automated motif generation by MEME (Bailey *et al.*, 2009), with maximum length 20. The motif consists of 7 residues before and 6 after the core of 7 residues (yellow).

### B. Comparison of motifs detected by MEME in yeast proteome and randomisations

p value (-log 10)	Yeast proteome	average randomised background	observed – background	% observed above background
11	2	0.0	2.0	100%
10	1	0.0	1.0	100%
9	2	0.0	2.0	100%
8	2	0.3	1.8	88%
7	3	0.3	2.8	92%
6	12	5.3	6.8	56%
5	52	39.5	12.5	24%
4.42	143	129.5	13.5	9%
4	309	269	40	13%
3	3508	3502	7	0.2%

Motifs with low p-values in yeast proteome (“observed”) by MEME Suite were compared to those in multiple randomisations. The cut-off of  $p=3.8 \times 10^{-5}$  ( $=10^{-4.42}$ ) includes 3% of the proteome. p-values less than  $10^{-7}$  are restricted to observed sequences; in contrast p-values greater than  $10^{-5}$  are found in very similar numbers in randomised sequences.

### C. Top 215 yeast hits to matrix generated by MEME

#name	start	p-val	#name	start	p-val	#name	start	p-val	#name	start	p-val
1 Opi1	200	2e-12	59	Afi1	133	7e-6 Pet18	86	2e-5	205 Arn1	601	3e-5
2 Osh1	716	2e-12	60	Spt1	971	7e-6 Rpa34	179	2e-5	206 Vps33	633	3e-5
3 Osh3	514	8e-11	61	Jlp1	246	7e-6 Ygr210c	278	2e-5	207 Efr3	761	3e-5
4 Osh2	745	1e-10	63	Ysw	167	7e-6 Mga2	367	2e-5	208 Trs85	224	4e-5
5 Ede1	1136	4e-10	66	Bud	339	8e-6 Ubp1	551	2e-5	210 Dna2	150	4e-5
6 Erb1	52	6e-9	67	Yku8	476	8e-6 Ino80	274	2e-5	211 Uls1	19	4e-5
7 Tos2	312	8e-9	69	Fpk1	845	9e-6 Rpb2	691	2e-5	212 Bck1	958	4e-5
8 Seg2	643	3e-8	71	Sgd1	273	9e-6 Sxm1	882	2e-5	213 Grx7	84	4e-5
9 Bbc1	553	3e-8	72	Mm	469	9e-6 Esf1	111	2e-5	214 Gcn2	1150	4e-5
10 Kri1	249	7e-8	73	Ycs4	912	9e-6 Gpi8	164	2e-5	215 Nft1	454	4e-5
11 Ent5	330	1e-7	74	Apl6	789	1e-5 Stt4	225	2e-5			
12 Nob1	213	2e-7	75	Mtf	386	1e-5 Sro7	296	2e-5			
13 Seg1	505	2e-7	76	Yjr0	32	1e-5 Kxd1	41	2e-5	<b>Position 2 not F or Y</b>		
14 Vid27	199	2e-7	77	Lhs1	722	1e-5 Fpr4	118	2e-5	65 Npy1	320	8e-6
15 Rad4	94	3e-7	78	Ecm	221	1e-5 Bms1	658	2e-5	68 Fpr3	175	8e-6
16 Bud9	92	5e-7	79	Nop	260	1e-5 Rap1	13	2e-5	70 Rsc1	883	9e-6
18 Wsc2	490	5e-7	80	Ste1	560	1e-5 Swi3	113	2e-5	90 Ent5	213	1e-5
19 Rio2	377	5e-7	81	Mif2	245	1e-5 Alk2	63	2e-5	91 Rtt106	351	1e-5
20 Ubp10	145	7e-7	82	Esc1	822	1e-5 Pob3	511	2e-5	96 Naf1	84	1e-5
21 Ylr287	212	8e-7	83	Fip1	68	1e-5 Ltv1	24	2e-5	97 Lcb5	507	1e-5
22 Pho87	262	9e-7	84	Ydl1	578	1e-5 Tfa1	412	2e-5	110 Clb4	114	2e-5
23 Ufd2	877	1e-6	85	Tub	407	1e-5 Swd1	370	3e-5	111 Snq2	96	2e-5
24 Ulp2	414	1e-6	86	Dcp	527	1e-5 Ubp12	69	3e-5	112 Rtt106	373	2e-5
25 Bck1	1012	1e-6	87	Gtt2	91	1e-5 Bye1	516	3e-5	113 Leo1	406	2e-5
26 Ent3	271	2e-6	88	Skp2	464	1e-5 Wtm1	84	3e-5	120 Pse1	323	2e-5
27 Shc1	148	2e-6	89	Ysp2	781	1e-5 Nhx1	186	3e-5	123 Sis2	503	2e-5
28 Sfb3	753	2e-6	92	Bch	562	1e-5 Sam37	183	3e-5	132 Lcb5	509	2e-5
29 Met4	570	2e-6	93	Dyn	2161	1e-5 Iki3	1095	3e-5	143 Hrk1	713	2e-5
30 Bud8	98	2e-6	94	Irr1	62	1e-5 Hif1	82	3e-5	145 Elf1	65	2e-5
31 Asg7	127	2e-6	95	Sed	862	1e-5 Nkp1	192	3e-5	147 Swr1	495	2e-5
32 Ypt11	374	2e-6	98	Kri1	392	1e-5 Dre2	219	3e-5	153 Rio2	384	2e-5
33 Rpf2	328	3e-6	99	Spb	620	1e-5 Dyn3	182	3e-5	161 Svf1	216	3e-5
34 Dbp10	759	3e-6	100	Num	2134	1e-5 Coq5	136	3e-5	183 Swc3	36	3e-5
35 Pet123	230	3e-6	101	Tif6	33	1e-5 Pir3	45	3e-5	187 Rei1	270	3e-5
36 Spt6	36	3e-6	102	Sbe	830	1e-5 Grr1	906	3e-5	188 Tfa1	385	3e-5
37 Aim44	539	3e-6	103	Gle1	17	1e-5 Skn1	24	3e-5	189 Vps13	480	3e-5
38 Ubr1	1614	3e-6	104	Scd5	223	1e-5 Fet4	31	3e-5	194 Pol5	728	3e-5
39 Bni1	1064	3e-6	106	Rna	354	2e-5 Rad2	836	3e-5	<b>Position 5 = D/E/H/K/R/W</b>		
40 Rfc1	803	3e-6	107	Kap	490	2e-5 Rrp43	114	3e-5	17 Pho90	205	5e-7
41 Ssf2	436	3e-6	109	Boi2	571	2e-5 Aim44	121	3e-5	56 Kel3	516	6e-6
42 Ubr1	950	3e-6	114	Bms	519	2e-5 Sap155	225	3e-5	58 Lsb3	227	6e-6
43 Hel1	9	4e-6	115	Hsl1	1146	2e-5 Uga4	552	3e-5	62 Chd1	55	7e-6
44 Sth1	1067	4e-6	116	lfh1	326	2e-5 Mak21	951	3e-5	64 Sup45	417	7e-6
45 Flc3	750	4e-6	118	Ssf1	436	2e-5 Dbp10	122	3e-5	105 Fpr4	173	2e-5
46 Ylr149	611	4e-6	119	Cdc	423	2e-5 Tps3	137	3e-5	108 Opy2	137	2e-5
47 Tfc4	469	4e-6	121	Tor2	1499	2e-5 loc4	81	3e-5	117 Leo1	393	2e-5
48 Gcn2	672	4e-6	122	Ecm	110	2e-5 Rpl5	239	3e-5	148 Tfg1	465	2e-5
49 Ycg1	540	4e-6	124	Irr1	70	2e-5 Tyw3	192	3e-5	151 Rio1	400	2e-5
50 Tub3	418	5e-6	125	ldp1	411	2e-5 Tom1	1930	3e-5	162 Ysp2	773	3e-5
51 Tub1	418	5e-6	126	Fre8	473	2e-5 Crn1	370	3e-5	166 Chd1	73	3e-5
52 Ymr31	287	5e-6	127	Vid2	134	2e-5 Toa1	228	3e-5	175 Rpc31	205	3e-5
53 Hal1	24	5e-6	128	Msc	290	2e-5 Tfa2	93	3e-5	186 Tom22	40	3e-5
54 Ubp1	560	5e-6	129	Vba	259	2e-5 Mam33	111	3e-5	190 Jip4	101	3e-5
55 Dma2	485	6e-6	130	Snt2	743	2e-5 Nst1	466	3e-5	209 Leo1	55	4e-5
57 Fpr3	116	6e-6	131	ldp2	394	2e-5 Cdc3	54	3e-5			

The top 215 yeast hits, indicating rank order (#), the start of the motif core and the p value. There are 3 sections, the main one having residues 2 and 5 compatible with VAP binding.