**Reference list for YAMAT-seq: the 42 unique tRNA sequences in *P. fluorescens* SBW25**

>1\_Ala-GGC-1-2 76 bp Sc: 75.2

GGGGCTATAGCTCAGCTGGGAGAGCGCTTGCATGGCATGCAAGAGGtCAACGGTTCGATCCCGTTTAGCTCCACCA

>2\_Ala-TGC-1-5 76 bp Sc: 82.7

GGGGCCATAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCCTTGCACGCAGGAGGtCAACGGTTCGATCCCGTTTGGCTCCACCA

>3\_Arg-ACG-1-2 77 bp Sc: 84.0

GCACTCGTAGCTCAGCTGGAtAGAGTACTCGGCTACGAACCGAGCGGtCACAGGTTCGAATCCTGTCGAGTGCACCA

>4\_Arg-CCG-1-1 77 bp Sc: 83.6

GCATCCGTAGCTCAGCTGGAtAGAGTACTGCCCTCCGAAGGCAGGGGtCGTGGGTTCGAATCCCGCCGGGTGCACCA

>5\_Arg-CCT-1-1 77 bp Sc: 72.4

GTCCCAGTAGCTCAATTGGAtAGAGCATCCCCCTCCTAAGGGGAAGGtTGGCCGTTCGAACCGGCCCTGGGACACCA

>6\_Arg-TCT-1-1 77 bp Sc: 89.3

GCGCCCGTAGCTCAGCTGGAtAGAGCATCCGCCTTCTAAGCGGATGGtCGCAGGTTCGAGTCCTGCCGGGTGCGCCA

>7\_Asn-GTT-1-1 76 bp Sc: 80.6

TCCGTGATAGCTCAGTCGGTAGAGCAAATGACTGTTAATCATTGGGtCCCAGGTTCGAGTCCTGGTCACGGAGCCA

>8\_Asn-GTT-2-1 76 bp Sc: 77.6

TCCGCGATAGCTCAGTTGGTAGAGCAAATGACTGTTAATCATTGGGtCCCTGGTTCGAGTCCAGGTCGTGGAGCCA

>9\_Asp-GTC-1-4 77 bp Sc: 90.7

GCAGCGGTAGTTCAGTCGGTtAGAATACCGGCCTGTCACGCCGGGGGtCGCGGGTTCGAGTCCCGTCCGCTGCGCCA

>10\_Cys-GCA-1-1 74 bp Sc: 65.3

GGCCGAGTAGCAAAATGGTTATGCAGCGGATTGCAAATCCGCCTaCGCCGGTTCGATTCCGACCTCGGCCTCCA

>11\_Cys-GCA-2-1 112 bp Sc: 23.4 (pseudo tRNA, no reads align in any sample)

GAGTAAATGTTGGTgAtgcggaatagattatcatataacttattgaaaataatgaggaTATTCGTGGATTGCAAATCCGCCTaCGCCGGTTCGATTCCGACCTCGGCCTCCA

>12\_Gln-TTG-1-1 75 bp Sc: 69.7

AGGGGCGTCGCCAAGCGGTAAGGCAGCAGGTTTTGATCCTGCCATgCGTTGGTTCGAATCCAGCCGCCCCTGCCA

>13\_Glu-TTC-1-4 76 bp Sc: 68.9

GTCCCCTTCGTCTAGTGGCctAGGACACCGCCCTTTCACGGCGGTAaCAGGGGTTCGAGTCCCCTAGGGGACGCCA

>14\_Gly-CCC-1-1 74 bp Sc: 74.9

GCGGGTATAGTTTAATGGTAGAACAGTAGCTTCCCAAGCTTCCGaCGAGGGTTCGATTCCCTCTACCCGCTCCA

>15\_Gly-GCC-1-3 76 bp Sc: 88.4

GCGGGAATAGCTCAGTTGGTAGAGCACGACCTTGCCAAGGTCGGGGtCGCGAGTTCGAGTCTCGTTTCCCGCTCCA

>16\_Gly-TCC-1-1 74 bp Sc: 83.2

GCGGGTATAGTTTAGTGGTAGAACCTCAGCCTTCCAAGCTGATGaTGCGGGTTCGATTCCCGCTACCCGCTCCA

>17\_His-GTG-1-2 76 bp Sc: 73.3

GTGGGCGTAGCTCAGTTGGTAGAGCACGGGATTGTGACTCCCGTTGtCGAGGGTTCGATCCCCTTCGTCCACCCCA

>18\_Ile-GAT-1-5 77 bp Sc: 88.9

GGGTCTGTAGCTCAGTTGGTtAGAGCGCACCCCTGATAAGGGTGAGGtCGGCAGTTCGAATCTGCCCAGACCCACCA

>19\_Ile2-CAT-1-1 77 bp Sc: 89.4

GGGCCTATAGCTCAGTTGGTtAGAGCAGGGGACTCATAATCCCTTGGtCGTAGGTTCGAGTCCTACTGGGCCCACCA

>20\_Leu-CAA-1-1 85 bp Sc: 70.8

GCCCTGATGGCGGAATTGGTaGACGCGGCGGATTCAAAATCCGTTTTCGAAAgGAGTGGGAGTTCGAGTCTCCCTCGGGGCACCA

>21\_Leu-CAG-1-2 87 bp Sc: 71.6

GCCCAGGTGGTGAAATTGGTaGACACGCCAGCTTCAGGTGCTGGTGATCGCAAGGTCGTGGAAGTTCGAGTCTTCTCCTGGGCACCA

>22\_Leu-GAG-1-1 86 bp Sc: 60.3

GCCGAGGTGGTGGAATTGGTaGACACGCAACCTTGAGGTGGTTGTGCCCATAGGGTgTAGGGGTTCGAGTCCCCTTCTCGGTACCA

>23\_Leu-TAA-1-1 87 bp Sc: 71.0

GCCCGAATGGCGAAACTGGTaGACGCATGGGACTTAAAATCCCCCGCTCGTAAGGGCGTCCCGGTTCGATTCCGGGTTCGGGCACCA

>24\_Leu-TAG-1-1 85 bp Sc: 70.1

GCGGATGTGGTGGAATTGGTaGACACACTGGATTTAGGTTCCAGCGCCGCGAGGCGTAAGAGTTCGAGTCTCTTCATCCGCACCA

>25\_Lys-TTT-1-2 76 bp Sc: 86.5

GGGTCGTTAGCTCAGTTGGTAGAGCAGTTGGCTTTTAACCAATTGGtCGTAGGTTCGAATCCCACACGACCCACCA

>26\_Met-CAT-1-1 77 bp Sc: 77.5

GGCTACATAGCTCAGTTGGTtAGAGCATAGCATTCATAATGCTGGGGtCCGGGGTTCAAGTCCCTGTGTAGCCACCA

>27\_Phe-GAA-1-1 76 bp Sc: 81.1

GCCCAGATAGCTCAGTCGGTAGAGCAGGGGATTGAAAATCCCCGTGtCGGCGGTTCGATTCCGTCTCTGGGCACCA

>28\_Pro-GGG-1-1 77 bp Sc: 67.6

CGGGGCGTAGCGCAGTCcGGTAGCGCACTAGCATGGGGTGCTAGGGGtCGAGTGTTCGAATCACTCCGTCCCGACCA

>29\_Pro-TGG-1-2 77 bp Sc: 73.4

CGGGGTATAGCGCAGTCcGGTAGCGCGCCTGCTTTGGGAGCAGGATGtCAGGAGTTCGAATCCCCTTACCCCGACCA

>30\_Ser-CGA-1-1 90 bp Sc: 71.0

GGAGAGATGCCAGAGTGGCcgAATGGGACGGATTCGAAATCCGTTGTACCTTCACCGGTACCTAGGGTTCGAATCCCTATCTCTCCGCCA

>31\_Ser-GCT-1-1 91 bp Sc: 75.0

GGAGAGCTGGCCGAGTGGCcgAAGGCGCTCCCCTGCTAAGGGAGTACACCTCAAaAGGGTGTCGGGGGTTCGAATCCCCCGTTCTCCGCCA

>32\_Ser-GGA-1-1 90 bp Sc: 75.7

GGTGAAGTGTCCGAGTGGCttAAGGAGCACGCCTGGAAAGTGTGTATACAAGAAATTGTATCGAGAGTTCGAATCTCTCCTTCACCGCCA

>33\_Ser-TGA-1-1 91 bp Sc: 75.4

GGGAAATTGGCAGAGTGGTtgAATGCACCGGTCTTGAAAACCGGCGGACGTTAAtAGCGTCTCCAGGGTTCGAATCCCTGGTTTCCCGCCA

>34\_Thr-CGT-1-1 73 bp Sc: 69.7

GCCCGTGTAGCTCAGTCGGTAGAGCAGCGCACTCGTAACGCGAAGGtCGCAGGTTCGATTCCTGTCTCGGGCACCA

>35\_Thr-GGT-1-1 76 bp Sc: 80.7

GCTCTTGTAGCTCAGTTGGTAGAGCACACCCTTGGTAAGGGTGAGGtCAGCGGTTCAAATCCGCTCAAGAGCTCCA

>36\_Thr-TGT-1-1 76 bp Sc: 87.9

GCCGGTATAGCTCAGTTGGTAGAGCAACTGACTTGTAATCAGTAGGtCCCGGGTTCGACTCCTGGTGCCGGCACCA

>37\_Trp-CCA-1-1 76 bp Sc: 86.5

AGGTCAGTAGCTCAATTGGCAGAGCGACGGTCTCCAAAACCGTAGGtTGGGGGTTCGATTCCCTCCTGACCTGCCA

>38\_Tyr-GTA-1-1 85 bp Sc: 77.1

GGAGGGGTTCCCGAGCGGCcaAAGGGATCAGACTGTAAATCTGACGTCTACGACTtCGAAGGTTCGAATCCTTCCCCCTCCACCA

>39\_Val-GAC-1-1 77 bp Sc: 78.1

AGGCACGTAGCTCAGTTGGTtAGAGCACCACCTTGACATGGTGGGGGtCGTTGGTTCGAGTCCAATCGCGCCTACCA

>40\_Val-TAC-1-3 76 bp Sc: 84.4

GGGTGATTAGCTCAGCTGGGAGAGCATCTGCCTTACAAGCAGAGGGtCGGCGGTTCGATCCCGTCATCACCCACCA

>41\_fMet-CAT-1-1 77 bp Sc: 78.4

CGCGGGGTGGAGCAGTCtGGTAGCTCGTCGGGCTCATAACCCGAAGGtCGTCGGTTCAAATCCGGCCCCCGCAACCA

>42\_fMet-CAT-2-2 77 bp Sc: 76.7

CGCGGGATGGAGCAGTCtGGTAGCTCGTCGGGCTCATAACCCGAAGGtCGTCGGTTCAAATCCGGCTCCCGCAACCA