

Supplemental material for

Compensation for differences in gene copy number among yeast ribosomal proteins is encoded within their promoters

Sequence of master strain construct in GenBank format

LOCUS Master strain for RPs library 4262 bp DNA linear 25-JUL-2010
FEATURES Location/Qualifiers
primer_bind complement(4223..4262)
/note="Chromosome 15 insertion site (Reverse primer)"
primer_bind 1..40
/note="Chromosome 15 insertion site (Forward primer)"
terminator complement(54..284)
/note="ADH1 terminator (reverse orientation)"
gene complement(302..1012)
/note="RFP gene (mcherry) (reverse orientation)"
promoter complement(1013..1585)
/note="TEF2 promoter"
gene 1939..2655
/note="YFP gene (yEVenus)"
terminator 2664..2892
/note="ADH1 terminator"
promoter 2903..3281
/note="TEF promoter"
gene 3282..3854
/note="NAT1 (selection marker)"
terminator 3855..4094
/note="TEF terminator"
misc_feature 1602..1651
/note="Recombination site for insertion of promoters
(Left)"
misc_feature 2637..2637
/note="Mutation G-->T (relative to other YFP genes in
databases. Does not seem to effect YFP fluorescence)"
misc_feature complement(1939..1983)
/note="Recombination site for insertion of promoters
(Right)"

ORIGIN

1 atgacagagc agaaagccct agtaaagcgt attacaaatg tgccacctga cgtcatctat
61 attaccctgt tatccctagc ggaatcgccg gtagagggtg ggtcaataag agcgacctca
121 tactatacct gagaagcaa cctgacctac aggaaagagt tactcaagaa taagaatttt
181 cgtttaaaaa cctaagagtc acttataaat ttgtatacac ttattttt tataacttat
241 ttaataataa aaatcataaa tcataagaaa ttcgcttatt tagaagtggc gcgcccgtcc
301 gttactgtga cagctcgacc atgccgcccg tggagtggcg gccctcggcg cgctcgact
361 gttccacgat ggtgtagtcc tcgtgtggg aggtgatgtc caactgatg ttgacgttgt
421 agcgccggcg cagctgcacg ggcttcttgg cctgttaggt ggtcttgacc tcagcgctcg
481 agtggccgcc gtccttcagc ttcagcctct gcttgatctc gcccttcagg gcgcccgtct
541 cggggtacat ccgctcggag gaggcctccc agcccatggt ctctcttcgc attacggggc
601 cgtcggaggg gaagtgtgtg ccgcgagct tcacctgtga gatgaactcg ccgtcctgca
661 gggaggagtc ctgggtcacg gtcaccacgc cgccgtcctc gaagttcatc acgcgctccc
721 actgaagcc ctcggggaag gacagctca agtagtcggg gatgctggcg ggggtcctca
781 cgtaggccct ggagccgtac atgaactgag gggacaggat gtcccaggcg aagggcaggg
841 ggccaccctt ggtcacctc agcttggcgg tctgggtgcc ctcgtagggg cgccctcgc
901 cctcgccctc gatctcgaac tcgtggccgt tcacggagcc ctccatgtgc accttgaagc
961 gcatgaactc ctgatgatg gccatgtat cctcctcgcc ctgtctacc atggtactag
1021 tgtttagta attatagttc gttgaccgta tattctaaaa acaagtactc cttaaaaaaa
1081 aaccttgaag ggaataaaca agtagaatag atagagagaa aaatagaaaa tgcaagagaa
1141 tttatatait agaaagagag aaagaaaaat ggaaaaaaa aaataggaaa agccagaaat
1201 agcactagaa ggagcgacac cagaaaagaa ggtgatggaa ccaatttagc tatatatagt
1261 taactaccgg ctcgatcatc tctgcctcca gcatagtcga agaagaattt tttttctt
1321 gaggtcttg tcagcaactc gtattttt tttctttt ggtgagccta aaaagttccc
1381 acgttctctt gtacgacgcc gtcacaaaca acctatggg taattgtcg cggtctgggt
1441 gtataaatgt gtgggtgcaa catgaatga cggaggtagt ttgctgatt gcggtctata
1501 gatacctgg ttatggcgcc ctcacagccg gcaggggaag gcctacgct tgacatctac

1561 tatatgaag tatakcgccc catatatagg ccccttcgct tcgcgcggtt cgggtgatgac
 1621 ggtgaaaacc tctgacacat gcagctccc gagacgggtc cagcttgct gtaagcggat
 1681 gccggggagca gacaagcccgc tcaggggcgc tcagcgggtg ttggcgggtg tcggggctgg
 1741 cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc accatatgga catattgtcg
 1801 ttagaacgcg gctacaatta atacataacc ttatgtatca tacacatacg atttaggtga
 1861 cactatagaa cgcggccgcc agctgaagct tcgtacgtg caggtcgacg gatcgggtgac
 1921 ggtgctgggt taattaacat gtctaaaggt gaagaattat tctcgggtgt gtcaccaatt
 1981 ttggttgaat tagatgggtga tgttaatggt cacaatttt ctgtctccgg tgaaggtgaa
 2041 ggtgatgcta ctacggtaa attgacctta aaattgattt gtactactgg taaattgcca
 2101 gttccatggc caaccttagt cactacttta ggttatggtt tgcaatggtt tgctagatac
 2161 ccagatcata tgaaacaaca tgacttttc aagtcgcca tgccagaagg ttatgttcaa
 2221 gaaagaacta ttttttcaa agatgacggg aactacaaga ccagagctga agtcaagttt
 2281 gaaggtgata cttagttaa tagaatcgaa ttaaaaggta ttgatttaa agaagatggt
 2341 aacatttagt gtcacaaatt ggaatacaac tataacttc acaatgttta catcactgct
 2401 gacaaacaaa agaattggtat caaagctaac ttcaaaatta gacacaacat tgaagatggt
 2461 ggtgttcaat tagctgacca ttatcaacaa aatactccaa ttggtgatgg tccagtcttg
 2521 ttaccagaca accattactt atcctatcaa tctgccttat ccaaagatcc aaacgaaaag
 2581 agagaccaca tggcttggtt agaattggt actgctgctg gtattacca tggattgat
 2641 gaattgtaca aataaggcgc gccacttcta aataagcgaa tttctatga ttatgattt
 2701 tattattaa ataagttata aaaaaataa gtgtatacaa attttaaagt gactcttagg
 2761 ttttaaacg aaaattctta ttctgagta actcttctt gtaggtcagg ttgcttctc
 2821 aggtatggcc gcacggcgcg aagcaaaaat tacggctcct cgctgcagac ctgcgagcag
 2881 acagggtaat atagatctgt ttatgtgcc ttgtcccgcc cgggtcaccg gccagcgac
 2941 atggaggccc agaataccct cctgacagt ctgacgtgc gcagctcagg ggcgatgatg
 3001 gactgtgcc cgtacattta gccatacat ccccatgtat aatcattgc atccatacat
 3061 tttgatggcc gcacggcgcg aagcaaaaat tacggctcct cgctgcagac ctgcgagcag
 3121 ggaacgctc ccctcacaga cgcgttgaat tgtcccccac cgcgcccct gtagagaaat
 3181 ataaaagggtt aggtattgcc actgagggtc ttcttcata tacttcttt taaaatcttg
 3241 ctaggatata gttctcacat cacatccgaa cataaacaac catgggtacc actcttgacg
 3301 acacggctta ccggtaccgc accagtgtcc cgggggacgc cgaggccatc gaggcactgg
 3361 atgggtcctt caccaccgac accgtcttcc gcgtcaccgc caccggggac ggcttcacc
 3421 tgcgggaggt gccggtggac ccgcccctga ccaagggtt ccccgacgac gaatcgagc
 3481 acgaatcgga cgacggggag gacggcgacc cggactccc gacgtcgtc gcgtacgggg
 3541 acgacggcga cctggcgggc ttctgtgtcg tctctactc cggctggaac cgccggctga
 3601 ccgtcgagga catcgagggt gccccggagc accgggggca cggggtcggg cgcgcgtga
 3661 tggggctcgc gacggaggtc gcccgcgagc ggggcgccc gcacctctg ctggagggtca
 3721 ccaacgtcaa cgcaccggcg atccacgcgt accggcgat ggggttcacc ctctcgggc
 3781 tggacaccgc cctgtacgac ggcaccgct cggacggcga gcaggcgctc tacatgagca
 3841 tgccctgcc ctaatcagta ctgacaataa aaagattctt gtttcaaga actgtcatt
 3901 tgtatagttt tttatattg tagttgtct attttaatca aatgttagcg tgatttatat
 3961 ttttttcgc ctgacatca tctgccaga tgcgaagtt agtcgcaga aagtaatatc
 4021 atgctgcaat cgtatgtgaa tgctgtcgc tatactgctg tcgattcgat actaacgccg
 4081 ccatccagtg tcgaaaacga gctcgaattc atcgatgata tcagatccac tagtggccta
 4141 tgcggccgcg gatctgccg tctccctata gtgagtcgta ttaatttca taagccaggt
 4201 taacctgcat taatgaatcg gcccgtagtg agagtgcgtt caaggctctt cgggttgcca
 4261 ta

Sequence of URA3 selection marker linked to one example promoter (RPS30A, in GenBank format)

LOCUS URA3-PromoterRPS30A 1667 bp DNA linear 25-JUL-2010
 FEATURES Location/Qualifiers
 gene 1623..1667
 /note="YFP gene start (yEVENus)"
 primer_bind 1..50
 /note="Recombination Site for promoters into the master
 strain (left)"
 gene 51..1272
 /note="URA3 selection marker"
 gene 341..1144
 /note="URA3 coding"
 misc_feature 1277..1301
 /note="Linker"
 promoter 1302..1622
 /note="Promoter example (RPS30A promoter)"
 primer_bind complement(1623..1667)
 /note="Recombination Site for promoters into the master
 strain (right)"

ORIGIN

```

1  cgccgcttc ggtgatgacg gtgaaaacct ctgacacatg cagctcccg gcttcgtacg
61  ctgcaggctc actaactatg cgccatcaga gcagattgta ctgagagtgc accacgcttt
121 tcaattcaat tcattctttt tttttatc ttttttga ttccggttc ttgaaattt
181 ttttgattcg gtaatctccg aacagaagga agaacgaagg aaggagcaca gacttagatt
241 ggtatatata cgcataatga gtgtgaaga aacatgaaat tgcccagat tcttaaccca
301 actgcacaga acaaaaacct gcaggaaacg aagataaatc atgtcgaaag ctacataaa
361 ggaacgtgct gctactcatc ctagtctgtg tgctccaag ctatttaata tcatgcacga
421 aaagcaaaaca aactgtgtgt cttcattgga tttcgtacc accaagggaat tactggagtt
481 agttgaagca ttagggtccc aaattgttt actaaaaaca catgtggata tcttgactga
541 ttttccatg gagggcacag ttaagccgct aaaggcatta tccccaagt acaattttt
601 actcttcgaa gacagaaaat ttgtgacat tggtaataca gtcaaatgac agtactctgc
661 ggggtgtatac agaatagcag aatgggcaga cattacgaat gcacacggtg tgggtggccc
721 aggtattgtt agcgggttga agcaggcggc agaagaagta acaaaggaa ctagaggcct
781 ttgatgttta gcagaattgt catgcaaggg ctcctatct actggagaat atactaaggg
841 tactgttgac attgcgaaga gcgacaaaga tttgttatc ggctttatg ctcaaagaga
901 catgggtgga agagatgaag gttacgattg gtgattatg acaccgggtg tgggtttaga
961 tgacaaggga gacgcattgg gtcaacagta tagaaccgtg gatgatgtg tctctacagg
1021 atctgacatt attattgttg gaagaggact atttgcaag ggaagggatg ctaaggtaga
1081 ggggtgaacgt tacagaaaag caggctggga agcatattg agaagatgag gccagcaaaa
1141 ctaaaaaact gtattataag taaatgcatg tatactaaac tcacaaatta gagcttcaat
1201 ttaattatat cagtattac cctgcgggtg gaaataccgc acagatgcgt aaggagaaaa
1261 taccgcatca ggtcggggt gtgtgttg tgggtgggt gaccctacag cggtacattt
1321 cttgctacg ttgctaagga aactctttaa atctgacatg gctgagaact gcagagtgtc
1381 agagttgcag actatcacat ccgtacatat gtataaaaaa atccgtgctt tacatactaa
1441 ctgcttttct ttttccgtt cgaaaaaaaa aaatgtcgtg aggtgtcgg aaacctcaga
1501 aaaaatagat agaacaaaac agccttacga acggtatgtt gcattttaa ggctacatga
1561 actgcacatt aaatttgcca ctgtaataat ctccataatc ccatacaaa aactacgcaa
1621 atatgtctaa aggtgaagaa ttattcactg gtgtgtccc aattttg

```

Primers used to lift promoters from the *S.Cerevisiae* genome (including constant parts for linking and recombination)

Gene Name	ORF	Primer Name	Primer Sequence (5' – 3')
RPL19B	YBL027W	YBL027W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAACCTATTTTATATGCTGAACCTCTGG
RPL19B	YBL027W	YBL027W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCCTCTAATTTATTGGTGACTTTTTATTCG
RPL23A	YBL087C	YBL087C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAATATTTGTATTGTTTATGTAATTATAATCTT
RPL23A	YBL087C	YBL087C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTATTAGTTATATATAGGTGTGTTGGTT
RPL4A	YBR031W	YBR031W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGATAATATTGAATATGCACCTTTACTATATTAAT
RPL4A	YBR031W	YBR031W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGATGATTGTTCTTGGGATATTGCTAAATTA
RPS11B	YBR048W	YBR048W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGAAAGCTATAAAAAATTTGAATTATACTCAT
RPS11B	YBR048W	YBR048W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTTTCCCTGGCTTGATACG
RPS6B	YBR181C	YBR181C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTTTTTACTACAAGAAAGCATTGCGC
RPS6B	YBR181C	YBR181C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATGGCTCAGTCGTCTATTAC
RPS9B	YBR189W	YBR189W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTGGTTGTAAAAAGTAGTCGCA
RPS9B	YBR189W	YBR189W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTTGCTTAGTCTTAGTTGTCTTGT
RPL21A	YBR191W	YBR191W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAACCTTTCAAATCACGGATCATTTTTTC
RPL21A	YBR191W	YBR191W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTTGCTAGTTATTTTTGTCTTGGTTC
RPS14A	YCR031C	YCR031C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGGGGCCGATGCAGTAGGGAC
RPS14A	YCR031C	YCR031C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGGCGGGTTCTGTGTTTC
RPL31A	YDL075W	YDL075W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGCGAGTAAATTTCCCTTACCTTCG
RPL31A	YDL075W	YDL075W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCTTTGATTGAGTTCTGTTTC
RPP1A	YDL081C	YDL081C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCCGCCCTACTACCAGGGACCC
RPP1A	YDL081C	YDL081C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTCTTCTGTTATTTAGAGATAATCGGTTTAAG
RPL13A	YDL082W	YDL082W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCTTGTGCTTATTCTCTTGCTG
RPL13A	YDL082W	YDL082W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTGTACGATTCTGCTGTG
RPS16B	YDL083C	YDL083C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGTGTACGATTCTGTCTGTCTG
RPS16B	YDL083C	YDL083C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTGTTGCTTATTCTCTGTGTATTTTTCG
RPP1B	YDL130W	YDL130W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGGTCATTGTTAAGGCTAAAGGTTCTGC
RPP1B	YDL130W	YDL130W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTCTTCTTAGTTGTTGATTCTTTGTTAGTCC
RPL41B	YDL133C-A	YDL133C-A_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGTGTCAGTGTAAGGCTAAAGGCTCT
RPL41B	YDL133C-A	YDL133C-A_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGGAATTAAGTCGATATGACTATCT
RPL35B	YDL136W	YDL136W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGTCATGCGGACCTGTGTG
RPL35B	YDL136W	YDL136W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTAGTCTATTGTTCTTTATCGTGTTTC
RPL41A	YDL184C	YDL184C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGTAGATTGTCCACTATCTCATGTAA
RPL41A	YDL184C	YDL184C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGATTGAATCGATGTGGTCTGGT
RPL35A	YDL191W	YDL191W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCTAGAATATGGATCAATACGCTTGT
RPL35A	YDL191W	YDL191W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGGAATATACTGTCTACTGTACCT
RPL4B	YDR012W	YDR012W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAAGTTTATTTACCCTTGGGTTT
RPL4B	YDR012W	YDR012W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTATTATTGGTATATACCTAGTAAATGAC
RPS11A	YDR025W	YDR025W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGATGTTGTTCTGTTCTGCCAATC

RPL8A	YHL033C	YHL033C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACATAAAATAATTTCTATTAAACATGTAATTTTC
RPL8A	YHL033C	YHL033C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGGAATTAGTTGTTTGATGTG
RPL27A	YHR010W	YHR010W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACACTATTCCTTCTGTTGCTTGG
RPL27A	YHR010W	YHR010W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTTTCTTTGGTTATGCTTTTGT
RPS27B	YHR021C	YHR021C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGTGACAGCTATCTACTATTATCTAT
RPS27B	YHR021C	YHR021C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATATTGATCTAATATATATGCACTAATTATCTGGTGT
RPL42B	YHR141C	YHR141C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACCACAATTTTTGATAATAGTTTTGATGA
RPL42B	YHR141C	YHR141C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTACTGATTGTTTTTTGCTTAATCTCC
RPS4B	YHR203C	YHR203C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCCCTGAATGTAACCAATCCA
RPS4B	YHR203C	YHR203C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCTCAATAGTGGTGTATCTATT
RPL34B	YIL052C	YIL052C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGGATTGAAACTTCTTTACTGCC
RPL34B	YIL052C	YIL052C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTAGGGTGTTCGTTGCTAATC
RPS24B	YIL069C	YIL069C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCGATATACAAGAAAAAAAAAAGTCACTGAT
RPS24B	YIL069C	YIL069C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTATTGATCTTCTGTAGGTACCTTAGCGTTT
RPL40A	YIL148W	YIL148W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCGGTTTGCTTCCGCCCACTG
RPL40A	YIL148W	YIL148W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGTTGAATCTTGGTCGTCTCAACTATG
RPS21B	YJL136C	YJL136C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGGCTTGTGTCGCTGGTCTGG
RPS21B	YJL136C	YJL136C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGGCTTATTGATATTCTTTATTTTTATC
RPL39	YJL189W	YJL189W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTAGAACTGAAAGGCCATTAACCAACC
RPL39	YJL189W	YJL189W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGTTGATCTATCTGTGTTTATTGCTTG
RPS22A	YJL190C	YJL190C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGTGTATCTATCTGTGTTTATTGCTTGT
RPS22A	YJL190C	YJL190C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGGATATGTATGTTGGTCTGTTTT
RPS14B	YJL191W	YJL191W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCGTCACACTGCTCTTTCACTTGTG
RPS14B	YJL191W	YJL191W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTCTAATTGTTATTGGGAGTTGTTG
RPL43B	YJR094W-A	YJR094W-A_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACAAAACACTTTAATTTCAATCAC
RPL43B	YJR094W-A	YJR094W-A_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTTTGTTTGATTATCTATGCTGT
RPS5	YJR123W	YJR123W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTACGAAAACACCTTGAAATACTAC
RPS5	YJR123W	YJR123W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGGAAATGGTCGGTTATTTCTAGTC
RPS4A	YJR145C	YJR145C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACACACTTGGCGACTGCCCTG
RPS4A	YJR145C	YJR145C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGCCTATTGATCTTTGGTTTGTGTTG
RPL14A	YKL006W	YKL006W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCTGCATGTAGCAATGCGCGG
RPL14A	YKL006W	YKL006W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTTATTTTATTTTACGACTCTTTGTTC
RPS27A	YKL156W	YKL156W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCAGAGACCGTGATGTCGTCA
RPS27A	YKL156W	YKL156W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGGGATATCTATCTTGTCTTGTGG
RPL17A	YKL180W	YKL180W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGAGAGTGTGCGCAATTTTAGTTC
RPL17A	YKL180W	YKL180W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTAATCTATTAGTAGTCTTGAGGACTCTTG
RPS21A	YKR057W	YKR057W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTGCACATATAAAATATCTACTATGTATATC
RPS21A	YKR057W	YKR057W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGGTATGATGTTTCTATGTTTGT
RPL40B	YKR094C	YKR094C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCTAAAACGTGGCGTTACTGAC
RPL40B	YKR094C	YKR094C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGAACCTTTGGTGGCTTACC
RPL8B	YLL045C	YLL045C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCCACTTCTGTTTTCTTGTGTG

RPL8B	YLL045C	YLL045C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTTCTTTTCAGTTATCGTGTTCACTGTATTG
RPL15A	YLR029C	YLR029C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGGCCACACACAGACACAAGCTG
RPL15A	YLR029C	YLR029C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGCTGATTATTTGTTTGATCGTGG
RPS0B	YLR048W	YLR048W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAAATACAGTAAACTTTTTAGCGGAAC
RPS0B	YLR048W	YLR048W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTATCCTATCAGTATCTTATCTTCTTTG
RPL22A	YLR061W	YLR061W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGAATGTTCTAACAAAAATTTTACTGATTTA
RPL22A	YLR061W	YLR061W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTTTCTTAATCTGTTGTTTGGTGGTTATAA
RPL37A	YLR185W	YLR185W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCTTTGATGTGTCGTGGCAGATG
RPL37A	YLR185W	YLR185W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGTCTATATTATTTGTATGAGGCTTAG
RPS28B	YLR264W	YLR264W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACGCAATTCTTTTAGATTAAAGATGGC
RPS28B	YLR264W	YLR264W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGTCTCTTTTATGCTTTG
RPL38	YLR325C	YLR325C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGGTTTCCCTTATTTTACTTGA
RPL38	YLR325C	YLR325C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCTTGATATTTTGTCTACTAT
RPP0	YLR340W	YLR340W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTCAACAATTCGTTATATATATGGTAGGCT
RPP0	YLR340W	YLR340W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTCAAATTTATTATACGTATTTTAGACTGTT
RPS1A	YLR441C	YLR441C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCCACCAACATTCATTTTCACTTCCGCC
RPS1A	YLR441C	YLR441C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATTAAACGATTGGTTATTCGTGTGCTT
RPL6B	YLR448W	YLR448W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCGCAAGACTTTAGCAACACGATCCG
RPL6B	YLR448W	YLR448W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGTTGAATATATTGCTTCTCTCCA
RPS18B	YML026C	YML026C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGTACACATACAAGTGACCCC
RPS18B	YML026C	YML026C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTACCACCTTCTGCTCTATTGGCTTTTC
RPS1B	YML063W	YML063W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCTTAGCTTAACTCAATTTAATTTCTACAG
RPS1B	YML063W	YML063W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATTAGTCTAGATCGGTTTTTGTCTTG
RPL6A	YML073C	YML073C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAACAGTGAAACTATTCTTTTATACGC
RPL6A	YML073C	YML073C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGTTGGATGGCTATTACTTTG
RPL15B	YMR121C	YMR121C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTTATTACAGTTATTTGCGATTAGGTTG
RPL15B	YMR121C	YMR121C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGCTTGTGTGGTAGGTAATTTGTG
RPL13B	YMR142C	YMR142C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTGGGATTCTTCTCTGTATACCTTACTATC
RPL13B	YMR142C	YMR142C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTTACTTGATTCTGCTTTACTTTTC
RPS16A	YMR143W	YMR143W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTTGATTCTGCTTTACTTTTCCG
RPS16A	YMR143W	YMR143W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGGGATTCTTCTTGTATACCTTACTATC
RPL36A	YMR194W	YMR194W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGGAAGAAATAAAGAAGATAATTGCC
RPL36A	YMR194W	YMR194W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTCTATTGTGTTGCTGTCTTTC
RPS10B	YMR230W	YMR230W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTGAGCTTTCTTCAGTTGCTGC
RPS10B	YMR230W	YMR230W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGAACGGTAGTTATGATCTGTGTTTTC
RPL20A	YMR242C	YMR242C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAAGGGCTGAAGCCGTCGGTG
RPL20A	YMR242C	YMR242C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCCGCACTGTTTTCTTAAAGACTTG
RPL16B	YNL069C	YNL069C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACAAGAAACAAGGTGAATCACTAAGAC
RPL16B	YNL069C	YNL069C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTTATGGTTGGTTGGTTGTTAATACC
RPL42A	YNL162W	YNL162W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGTGCATATTGCTGTTCAATATCTTTC
RPL42A	YNL162W	YNL162W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTACTGATAATTGTTGTTTCTCTATTAAG

RPS3	YNL178W	YNL178W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCTGCTACTTTCCATTATCTGGTC
RPS3	YNL178W	YNL178W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTGTAGTTTGTGCTGTTTTATTTTC
RPL18B	YNL301C	YNL301C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGCCGAAGGCAGGGATAAGGAAGG
RPL18B	YNL301C	YNL301C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTGTTTTTGTCTTCTAATTGATTTTTTC
RPS19B	YNL302C	YNL302C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCTAGTATGGTTTGAACCTTACAATTTTTCTT
RPS19B	YNL302C	YNL302C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTTATTATCTTTGGTTCTATACCTTTGTTGTC
RPS15	YOL040C	YOL040C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTTGTATGATTGGTCTGTTGTTGTG
RPS15	YOL040C	YOL040C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATCGGTGCGTATTATCTGTTGTG
RPL18A	YOL120C	YOL120C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGGTGAGCGTTGAGAGCGTTCC
RPL18A	YOL120C	YOL120C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTGAATCCGAAGCTTGATGATCTCTTCTGTG
RPS19A	YOL121C	YOL121C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTTCATATTTACTTTTTATTGTTACTCATTT
RPS19A	YOL121C	YOL121C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTTACTCTATTTGTCGATCGTATCACTTC
RPL25	YOL127W	YOL127W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGGTATGTTAGTGCTAAAGCAAAATG
RPL25	YOL127W	YOL127W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTATCTTATTGATCTCTTTGTTAGCCTTTTC
RPL3	YOR063W	YOR063W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAGAGTCTTGAGAGATTTTCGACCTG
RPL3	YOR063W	YOR063W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATTGATTGTTGTAGTAAGTGTGTTGTTTC
RPS7A	YOR096W	YOR096W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCACTGCCTCGGCCACAAGC
RPS7A	YOR096W	YOR096W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGTTGTTGCGTGATGATCTTCTCCTTTTC
RPS28A	YOR167C	YOR167C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGACGTTATTATACTCCTGATATTTTTTCTCA
RPS28A	YOR167C	YOR167C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATTGCTAGCTTGGTTTTCTGCT
RPL33B	YOR234C	YOR234C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGATGTACTAAATCTAATTGACAGCAGAA
RPL33B	YOR234C	YOR234C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTATCTATGATTTATCTGGTTCTACTTTTG
RPS10A	YOR293W	YOR293W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCGAAATATATACTCTGAGTTCCTTGCTCC
RPS10A	YOR293W	YOR293W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGGCTACTTAGTTCGTAAGTCTTCTTG
RPL20B	YOR312C	YOR312C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTAATATAGGCGAGAATTTCAATTTGTACC
RPL20B	YOR312C	YOR312C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCTTGTCTGATTCTTTGTTACGG
RPS12	YOR369C	YOR369C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTTTTCCCTTCAGGAACGGTG
RPS12	YOR369C	YOR369C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCTTCTCAATAATATATAGTCTAGTTT
RPL21B	YPL079W	YPL079W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACGTGTTGAAATCACGATACTGGC
RPL21B	YPL079W	YPL079W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGTGTTAGTGCCTTGACTGTCTC
RPS9A	YPL081W	YPL081W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGAGGTGCTGTGTGTGTTGTG
RPS9A	YPL081W	YPL081W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGTTGTATACTTTTGTATTTCTGTTGCTG
RPS6A	YPL090C	YPL090C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACCAAAAAATTTGACCAGTATGAAT
RPS6A	YPL090C	YPL090C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATGATGTATAGTCTGTCTTCACTCTTTT
RPL5	YPL131W	YPL131W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGTAAATACAAAGTCATTCAATGTACATAA
RPL5	YPL131W	YPL131W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTGTTGCTGAGATTTGTGACGG
RPL33A	YPL143W	YPL143W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTAAGTATAATGCGGCTCC
RPL33A	YPL143W	YPL143W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTCAATTTATTGATTGTTGGTTTCT
RPL1A	YPL220W	YPL220W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGCTTTGTCGATGGGATAAAGGTAAAAAG
RPL1A	YPL220W	YPL220W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGGACGACTGGTTGACTG
RPL36B	YPL249C-A	YPL249C-A_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGTATAGTTTTGCGCTGTGTGC

RPL36B	YPL249C-A	YPL249C-A_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGTATTATCCTTGCTTCTCTATTCTGTTTTG
RPL11A	YPR102C	YPR102C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGGTTGTTTTTTTTCTTCT
RPL11A	YPR102C	YPR102C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTTGGCTATGTTTGTATGT
RPS23B	YPR132W	YPR132W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGCTCGAATCCTCTGTCTCTTCC
RPS23B	YPR132W	YPR132W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTTCTTGTAGTTTGTGTTCTTACC
RPL10	YLR075W	YLR075W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTCACCTTGTCTGTGTGTTAACTGCC
RPL10	YLR075W	YLR075W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATCTTGAATTAGTTATTTGATATACTGTACTT
RPS30A	YLR287C-A	YLR287C-A_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACCCTACAGCGGTACATTCTTTGC
RPS30A	YLR287C-A	YLR287C-A_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATATTTGCGTAGTTTTGTATGGGGATATGG
RPL26A	YLR344W	YLR344W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACGGAGGCTACGATGCCAGC
RPL26A	YLR344W	YLR344W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTCTGATACTTTTTTTGTTGGTTACGTC
RPS7B	YNL096C	YNL096C_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGACTCCTAATCACTGTTTTAGGGTGGG
RPS7B	YNL096C	YNL096C_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATATTGGTCAGTTATGTGTCTAGTCTTATGTG
RPP2A	YOL039W	YOL039W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGTGATCGGTCGTGATTATCTTGTGTG
RPP2A	YOL039W	YOL039W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTGTATGATTGGTTCTGTTGTGTG
RPL7B	YPL198W	YPL198W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAAGTCCGCGCTTTAGCTTC
RPL7B	YPL198W	YPL198W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTATGACGTTGATGGAGATTTGTAATATGGGTC
RPL43A	YPR043W	YPR043W_Fw	GGGTGTGTTGTTGGTGGGTGGGTGAAACAGTAGCAAGGGACAGCG
RPL43A	YPR043W	YPR043W_Rv	TGAATAATTCTTCACCTTTAGACATTTTGTCTCAGTTGTCTTCCTGTTG

Primers for lifting URA3 selection marker from plasmid Pbs7UV

Forward (Further recombination tail in lower case, URA3 lift part in upper case):

5' – cgcgcggttcggtgatgacggtgaaaacctctgacacatgcagctcccgGCTTCGTACGCTGCAGGTCG – 3'

Reverse (Linker in lower case, URA3 lift part in upper case) :

5' – caccacacccaccaacaacacacccCGACCCTGATGCGGTATTTTC – 3'

Primers for extending lifted promoter ends

Forward:

5' – cgcgcggttcggtgatgacgg – 3'

Reverse:

5' – caaaattgggacaacaccagtgaaataattcttcaccttag – 3'