

Table S1 tRNA peaks and Hfq coIP peaks with an RPKM ratio of <2

<i>Hfq coIP peaks with an RPKM ratio of <2</i>				
Gene	Peak Length	Coordinates	Coordinates	RPKM Ratio^a
<i>trnQ-Arg</i>	97	3545879	3545975	2.00
<i>trnSL-Ser1</i>	164	22289	22452	1.89
<i>trnS-Leu2</i>	123	529311	529433	1.78
<i>trnD-Asp</i>	254	952036	952289	1.77
<i>trnD-Phe</i>	254	952036	952289	1.77
<i>trnS-Asn</i>	570	528691	529260	1.74
<i>trnS-Glu</i>	570	528691	529260	1.74
<i>trnS-Gln</i>	570	528691	529260	1.74
<i>trnS-Lys</i>	570	528691	529260	1.74
<i>trnB-Thr</i>	98	3173596	3173693	1.68
<i>trnSL-Met1</i>	187	70168	70354	1.56
<i>trnD-Gly</i>	289	952699	952987	1.56
<i>trnD-Leu1</i>	289	952699	952987	1.56
<i>trnD-Glu</i>	251	951782	952032	1.54
<i>trnD-Val</i>	251	951782	952032	1.54
<i>trnJ-Gly</i>	455	95772	96226	1.51
<i>trnJ-Arg</i>	455	95772	96226	1.51
<i>trnJ-Pro</i>	455	95772	96226	1.51
<i>trnJ-Ala</i>	455	95772	96226	1.51
<i>trnI-Arg</i>	273	166061	166333	1.49
<i>trnI-Pro</i>	273	166061	166333	1.49
<i>trnI-Ala</i>	273	166061	166333	1.49
<i>trnB-Met3</i>	793	3172791	3173583	1.48
<i>trnB-Ala</i>	793	3172791	3173583	1.48
<i>trnB-Arg</i>	793	3172791	3173583	1.48
<i>trnB-Leu2</i>	793	3172791	3173583	1.48
<i>trnB-Gly1</i>	793	3172791	3173583	1.48
<i>trnB-Leu1</i>	793	3172791	3173583	1.48
<i>trnSL-Ala1</i>	91	3194446	3194536	1.48
<i>yxzE</i>	85	3983070	3983154	1.47
<i>trnSL-Glu2</i>	466	194160	194625	1.43
<i>trnSL-Tyr1</i>	466	194160	194625	1.43
<i>trnA-Ile</i>	188	31915	32102	1.39
<i>trnA-Ala</i>	188	31915	32102	1.39
<i>trnD-Tyr</i>	178	952299	952476	1.37
<i>trnB-Phe</i>	366	3172424	3172789	1.37
<i>trnB-Asp</i>	366	3172424	3172789	1.37
<i>trnB-Met2</i>	366	3172424	3172789	1.37
<i>trnB-Ser1</i>	366	3172424	3172789	1.37
<i>trnD-Leu2</i>	109	953192	953300	1.34
<i>trnO-Ile</i>	179	11455	11633	1.34
<i>rrnI-16S</i>	1559	160888	162446	1.33
<i>rrnJ-16S</i>	1592	90500	92091	1.32
<i>rrnH-16S</i>	1593	166461	168053	1.32
<i>rrnA-16S</i>	1559	30275	31833	1.32

<i>rrnW-16S</i>	1560	96388	97947	1.31
<i>rrnD-16S</i>	1563	946690	948252	1.31
<i>component</i>	327	26391	26717	1.31
<i>rrnO-16S</i>	1564	9803	11366	1.30
<i>trnB-Ile2</i>	273	3172150	3172422	1.30
<i>trnB-Gly2</i>	273	3172150	3172422	1.30
<i>trnB-His</i>	273	3172150	3172422	1.30
<i>rrnE-16S</i>	1569	635421	636989	1.30
<i>rrnG-16S</i>	1593	171459	173051	1.27
<i>rrnB-16S</i>	1569	3177084	3178652	1.27
<i>trnD-His</i>	174	952484	952657	1.25
<i>trnD-Gln</i>	174	952484	952657	1.25
<i>trnSL-Arg2</i>	108	2899808	2899915	1.24
<i>trnSL-Gly1</i>	93	967051	967143	1.23
<i>trnI-Asn</i>	152	165754	165905	1.18
<i>trnB-Asn</i>	274	3171873	3172146	1.18
<i>trnB-Glu</i>	274	3171873	3172146	1.18
<i>trnE-Arg</i>	170	635109	635278	1.13
<i>trnE-Gly</i>	170	635109	635278	1.13
<i>trnSL-Val2</i>	115	1262757	1262871	1.10
<i>rrnJ-5S</i>	507	95232	95738	1.03
<i>trnJ-Val</i>	507	95232	95738	1.03
<i>SAM</i>	200	1424502	1424701	0.96
<i>trnD-Asn</i>	309	951451	951759	0.92
<i>rrnD-5S</i>	309	951451	951759	0.92
<i>rrnD-5S</i>	309	951451	951759	0.92
<i>trnB-Val</i>	231	3173710	3173940	0.88
<i>rrnB-5S</i>	231	3173710	3173940	0.88
<i>trnB-Val</i>	231	3173710	3173940	0.88
<i>rrnB-5S</i>	231	3173710	3173940	0.88
<i>trnSL-Arg1</i>	78	2003272	2003349	0.86
<i>rrnE-5S</i>	220	640132	640351	0.83
<i>trnE-Met</i>	220	640132	640351	0.83
<i>rrnE-5S</i>	220	640132	640351	0.83
<i>trnE-Met</i>	220	640132	640351	0.83
<i>rrnO-5S</i>	140	14673	14812	0.71
<i>rrnO-5S</i>	140	14673	14812	0.71
<i>rrnH-5S</i>	136	171180	171315	0.71
<i>rrnH-5S</i>	136	171180	171315	0.71
<i>rrnA-5S</i>	133	35224	35356	0.71
<i>rrnA-5S</i>	133	35224	35356	0.71
<i>rrnI-5S</i>	127	165585	165711	0.71
<i>rrnI-5S</i>	127	165585	165711	0.71
<i>rrnW-5S</i>	136	101077	101212	0.71
<i>rrnW-5S</i>	136	101077	101212	0.71
<i>rrnG-5S</i>	127	176190	176316	0.70
<i>rrnG-5S</i>	127	176190	176316	0.70
<i>rrnI-23S</i>	2925	162610	165534	0.56
<i>rrnE-23S</i>	2945	637138	640082	0.56

<i>rrnE-23S</i>	2945	637138	640082	0.56
<i>rrnB-23S</i>	2914	3173995	3176908	0.56
<i>rrnB-23S</i>	2914	3173995	3176908	0.56
<i>rrnJ-23S</i>	2935	92249	95183	0.56
<i>rrnJ-23S</i>	2935	92249	95183	0.56
<i>rrnW-23S</i>	2915	98120	101034	0.56
<i>rrnW-23S</i>	2915	98120	101034	0.56
<i>rrnO-23S</i>	2944	11691	14634	0.56
<i>rrnO-23S</i>	2944	11691	14634	0.56
<i>rrnD-23S</i>	2923	948418	951340	0.56
<i>rrnD-23S</i>	2923	948418	951340	0.56
<i>rrnG-23S</i>	2916	173225	176140	0.55
<i>rrnG-23S</i>	2916	173225	176140	0.55
<i>rrnA-23S</i>	2921	32190	35110	0.55
<i>rrnH-23S</i>	2913	168227	171139	0.52
<i>rrnH-23S</i>	2913	168227	171139	0.52
<i>RNase P RNA</i>	382	2331325	2331706	0.12
<i>tRNA peaks with an RPKM ratio of >2</i>				
Gene	Peak Length	Coordinates	Coordinates	RPKM Ratio^a
<i>trnY-Glu</i>	230	4155048	4155277	2.76
<i>trnY-Lys</i>	230	4155048	4155277	2.76
<i>trnSL-Gln1</i>	74	2563888	2563961	2.61
<i>trnE-Asp</i>	131	640376	640506	2.35
<i>trnY-Phe</i>	217	4154761	4154977	2.25
<i>trnI-Gly</i>	90	165953	166042	2.12

^a The expression of each peak (described in the main text) was quantified in reads per kilobase per million mapped reads, or ‘RPKM’ (Mortazavi *et al.*, 2008). The ratio of these values for the Hfq^{FLAG} and mock control samples was taken as an indicator of Hfq-mediated enrichment.