

**Table S2:** Identification of human protein segments that display a dual motif that can act as a phosphorylation double switch for SH3 and SH2 domains or for SH2 and WW domains

		Strict scheme		Less strict scheme		
		Class I WW	SH3-1	SH3-2	SH3-3	SH3-4
		PP <sub>x</sub> Y	P <sub>x</sub> xD <sub>y</sub>	[RKY] xxP <sub>x</sub> xP	P <sub>x</sub> xPx [KR]	[PV] xxP
SH2 (Grb2)	YxNx	JUN_HUMAN(167-173) CASL_HUMAN(109-115) US6NL_HUMAN(629-635)	IRS2_HUMAN(974-981) JAG1_HUMAN(1135-1142) GIT2_HUMAN(588-595) LR37B_HUMAN(898-905) RBM19_HUMAN(165-172)	WASF3_HUMAN(337-343) GCM2_HUMAN(359-365)	NONE	RET_HUMAN(1088-1093) ROR1_HUMAN(784-789)
SH2 (Ptp2)	Y[IV]x[VILP]	DAG1_HUMAN(889-895) LAP4A_HUMAN(207-213) MIF_HUMAN(34-40) K1462_HUMAN(337-343)	GEMI2_HUMAN(167-174)	STA5B_HUMAN(668-674) MYPT1_HUMAN(496-502) LIPB2_HUMAN(835-841) SCML2_HUMAN(506-512) SND1_HUMAN(421-427) MUTA_HUMAN(231-237)	NONE	DAG1_HUMAN(891-895) RBM34_HUMAN(70-74) PKP1_HUMAN(213-217) RPGR1_HUMAN(928-932) NDC80_HUMAN(457-461) K1462(339-343)
SH2 (Src)	Y[QDEVAIL][DENPYHI] [IPVGAHS]	EZRI_HUMAN(475-481) NTRK1_HUMAN(788-794) LAP4A_HUMAN(227-233) SCAM3_HUMAN(50-56) DDR1_HUMAN(481-487) CAN7_HUMAN(624-630)	PTN11_HUMAN(300-307) CD3E_HUMAN(184-191) HCLS1_HUMAN(374-381) HCLS1_HUMAN(393-400) PTN6_HUMAN(297-304) GRK6_HUMAN(157-164) MATR3(198-205)	GAB1_HUMAN(307-313) B3AT_HUMAN(21-27) 3BP2_HUMAN(183-189) MPDZ_HUMAN(717-723) PKP4_HUMAN(478-484) TRIP6_HUMAN(123-129) PARD3_HUMAN(1321-1327) MMP16_HUMAN(52-58) CNO6L_HUMAN(10-16) PHF10_HUMAN(196-202) ABLM3_HUMAN(538-544) CASS4_HUMAN(195-201)	ERG_HUMAN(258-264)	CD28_HUMAN(208-212) EZRI_HUMAN(477-481) P63_HUMAN(289-293) GRWD1_HUMAN(32-36) CING_HUMAN(1177-1181) MTA2_HUMAN(482-486) K1462_HUMAN(339-343) SF3A1_HUMAN(455-459) DSG2_HUMAN(967-971) LAP4A_HUMAN(229-233) RBM34_HUMAN(70-74) WWC3_HUMAN(642-646) BOP1_HUMAN(219-223) RPGR1_HUMAN(928-932) ACHG_HUMAN(511-515) PKP1_HUMAN(213-217)
SH2 (Stat3)	YxxQ	LAP2_HUMAN(974-980) SOX18_HUMAN(5-11) PREX2_HUMAN(1555-1561)	STAP2_HUMAN(318-325) CC03_HUMAN(634-641)	NONE	NONE	ZO1_HUMAN(897-901) CTND1_HUMAN(256-260)

SH2 (Stat5)	$\gamma$ [VLTFIG]	ERBB4_HUMAN(1053-1057) SH23A_HUMAN(228-232) EPOR_HUMAN(501-505) ERBB4_HUMAN(1032-1036) SYNPO_HUMAN(562-566) LAP4B_HUMAN(364-368) FUBP3_HUMAN(540-544) HGS_HUMAN(234-238) INP4B_HUMAN(789-793) NLGN1_HUMAN(775-780) RU2B_HUMAN(148-152) SG223_HUMAN(156-160)	ICK_HUMAN(155-160) OCLN_HUMAN(311-316) LYN_HUMAN(488-493) LAP2_HUMAN(1100-1105) MAK_HUMAN(155-160) PTK6_HUMAN(110-115) RAB1B_HUMAN(3-8) US6NL_HUMAN(725-730) CDKAL_HUMAN(144-149) FXRD2_HUMAN(29-34)	RPB1_HUMAN(1838-1844) CS021_HUMAN(428-434) KCNC3_HUMAN(574-580) SND1_HUMAN(421-427) MUTA_HUMAN(231-237) PDIP3_HUMAN(236-242) ETV6_HUMAN(17-23) SCML2_HUMAN(506-512) RRMJ1_HUMAN(262-268) MMP16_HUMAN(52-58) STA5B_HUMAN(668-674) LIPB2_HUMAN(835-841) PURA1_HUMAN(384-390) ROBO1_HUMAN(1587-1593) DCP1A_HUMAN(310-316) VIR_HUMAN(217-223) TEX10_HUMAN(623-629) MYPT1_HUMAN(496-502) SFRS9_HUMAN(214-220) ERRFI_HUMAN(395-401)	IRS4_HUMAN(699-704) CC14C_HUMAN(238-243) SH3R1_HUMAN(455-460)	RPB1_HUMAN(1901-1904) HCK_HUMAN(50-53) DCC_HUMAN(1362-1365) INSR_HUMAN(1010-1013) GAB2_HUMAN(475-478) GRWD1_HUMAN(32-35) NUMB_HUMAN(14-17) ARAF_HUMAN(23-26) LAP4A_HUMAN(229-232) RBM34_HUMAN(70-73) WWC3_HUMAN(642-645) ABL2_HUMAN(567-570) K1462_HUMAN(339-342) NDC80_HUMAN(457-460) SFR2B_HUMAN(43-46) RPGR1_HUMAN(928-931) SYQ_HUMAN(476-479) CCDC6_HUMAN(355-358) ACHG_HUMAN(511-514) GSTP1_HUMAN(7-10) PKP1_HUMAN(213-216)
SH2 (Crk)	$\gamma$ xxxP	PTN21_HUMAN(566-572) WIPF2_HUMAN(252-258) K1522_HUMAN(675-681)	NCK1_HUMAN(264-271)	CDN1B_HUMAN(88-94) CBL_HUMAN(774-780) EMD_HUMAN(19-25) RAD51_HUMAN(315-321) BCAR1_HUMAN(165-171) ASPG_HUMAN(178-184) ACK1_HUMAN(860-866) 3BP2_HUMAN(183-189) FGFR1_HUMAN(463-469) TAU_HUMAN(514-520) DOK1_HUMAN(398-404) WASF3_HUMAN(248-254) SH22A_HUMAN(280-286) DOK1_HUMAN(377-383) YAP1_HUMAN(357-363) TRIP6_HUMAN(55-61) NUAK2_HUMAN(267-273) CDN1B_HUMAN(88-94) MPDZ_HUMAN(717-723) ADA22_HUMAN(880-886) ZO1_HUMAN(1435-1441) WRIP1_HUMAN(111-117) ETV6_HUMAN(17-23) SCML2_HUMAN(506-512) RRMJ1_HUMAN(262-268)	CD28_HUMAN(208-213) RB_HUMAN(786-793) ERG_HUMAN(258-263) WIPF2_HUMAN(251-258)	FAK1_HUMAN(718-723) TTDN1_HUMAN(11-16) PKP1_HUMAN(213-217) RPGR1_HUMAN(928-832) K1462_HUMAN(339-343) WWC3_HUMAN(642-646)

			GCM2_HUMAN(359-365) BIG3_HUMAN(1406-1412) FGFR2_HUMAN(466-472) FA21B_HUMAN(351-358) LIPB2_HUMAN(835-841) NRK_HUMAN(985-991) DCP1A_HUMAN(310-316) OTU7B_HUMAN(779-785) PSB4_HUMAN(22-28) BRD1_HUMAN(127-133) PKP4_HUMAN(478-484) SVIL_HUMAN(1317-1323) PARD3_HUMAN(1321-1327) PTN21_HUMAN(564-572) PGAM4_HUMAN(119-125) K1522_HUMAN(678-684) CASS4_HUMAN(244-250) KLF3_HUMAN(106-112) RIF1_HUMAN(404-410) CNO6L_HUMAN(10-16) PK3CD_HUMAN(440-446) PHF10_HUMAN(196-202) LPHN3_HUMAN(170-176) ERRFI_HUMAN(395-401) SHB_HUMAN(297-303) KS6A4_HUMAN(342-348) CS021_HUMAN(428-434) KCNC3_HUMAN(574-580) SND1_HUMAN(421-427) MUTA_HUMAN(231-237) ZFHX4_HUMAN(2662-2668) ATAD2_HUMAN(322-328) TRIP6_HUMAN(123-129) PDIP3_HUMAN(236-242) TM1L2_HUMAN(200-206) DOK4_HUMAN(255-261) US6NL_HUMAN(804-810) MMP16_HUMAN(52-58) STA5B_HUMAN(668-674) ATN1_HUMAN(729-735) SFR19_HUMAN(238-244) ABLM3_HUMAN(538-544) RBM5_HUMAN(712-718) HDAC3_HUMAN(404-410) YTHD1_HUMAN(317-323) TRPS1_HUMAN(1080-1086)	
--	--	--	---	--

			KI2S5_HUMAN(126-132) PGAM1_HUMAN(119-125) ROBO1_HUMAN(1587-1593) CASS4_HUMAN(131-137) VIR_HUMAN(217-223) XRN1_HUMAN(1394-1400) TEX10_HUMAN(623-629) MYPT1_HUMAN(496-502) DPYL1_HUMAN(504-510) FAK1_HUMAN(441-447) NDC1_HUMAN(469-475) LSR_HUMAN(615-621) SMS2_HUMAN(24-30) SFRS9_HUMAN(214-220) CASS4_HUMAN(195-201)		
Total <sup>(*)</sup>	31(7)	26(5)	126(23)	8(2)	53(10)

Each table cell includes a protein segment that may bind SH2 and SH3 (or WW) domains. For example, the red-framed table entry details three protein segments (present in JUN, NEDD9 and USP6NL proteins) that obey the combined sequence pattern PPxYxNx (composed of the SH2<sup>Grb2</sup> YxNx pattern and the class I WW PPxY pattern – see Figure 3 in the main text for all dual sequence patterns). The third and fourth table columns detail the strict scheme analysis, and the three last columns detail the less-strict analysis results. Protein names (Swiss-Prot accessions or gene names) in italic font mean that the phosphorylation has highly reliable evidence.

(\*) Numbers in parenthesis indicate the count of dual sequence pattern hits that are phosphorylated according to our high reliability phosphorylation dataset.