

### Figure S1. Alignment of the Most Highly Conserved Region of MCM Proteins

This alignment shows the central region from all MCMs from *Homo sapiens* (*Has*), *Drosophila melanogaster* (*Dma*), *Arabidopsis thaliana* (*Ath*), *Entamoeba histolytica* (*Ehi*), and *Giardia lamblia* (*Gla*); the single MCM from the archaeal species *Sulpholobus sulfataricus* (*Ssu*); and MCM8 and MCM9 from *Anopheles gambiae* (*Aga*), *Drosophila pseudoobscura* (*Dps*), *Drosophila virilis*, and *Encephalitozoon cuniculi* (*Ecu*). A consensus is shown below the alignment, in which U, bulky aliphatic (I, L, M, V); @, aromatic (F, W, Y); &, bulky hydrophobic (I, L, M, V, F, W, Y); dot, any residue or no strong consensus. For this figure, a consensus residue is defined as one that is found in more than 80% of the sequences shown. Since 14 of the 44 sequences shown are from MCM8 and MCM9 orthologs, this figure emphasizes positions that are conserved between these more divergent subfamilies and canonical MCMs. Residues that match the consensus are shown in white text on a black background; conserved substitutions from the consensus are shown as white text on a gray background. The positions of the Walker A and B boxes and the arginine finger (RF) are indicated.

### Figure S2. Phylogenetic Analysis of Eukaryotic MCM Family Proteins

The tree shown was generated by the neighbor-joining method of ClustalW, using the alignment of the most highly conserved region of the MCM core domain shown in Figure S1 (correcting for multiple substitutions but including positions with gaps; unrooted). Note that *Giardia* MCM2 clusters with MCM8 and MCM9 in this analysis. The numbers on each node are the percentage of trees with the given branch from 10,000 independent boot-strapped iterations. The scale represents the relationship of branch length to phylogenetic distance expressed as the number of substitutions per site. See Figure S1 legend for species names.

Walker A

*Dme* REC : KAACL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>LGCKGAET-----EAT<sup>S</sup>IN<sup>S</sup>VLLV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>TK<sup>S</sup>IL<sup>S</sup>QSCAQIAERGAHV<sup>S</sup>SG<sup>S</sup>KRGAQ<sup>S</sup>SAQQLG<sup>S</sup>VT<sup>S</sup>FAGRNKRV-<sup>S</sup>LEAGSL<sup>S</sup>MMA  
*Dps* REC : KAACL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>LGCGA-----GGV<sup>S</sup>NVLLV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SK<sup>S</sup>IL<sup>S</sup>QNCAQITERGSH<sup>S</sup>ISG<sup>S</sup>KRGAQ<sup>S</sup>SAQRLGPTFTGRNKR-<sup>S</sup>LEAGGL<sup>S</sup>MTA  
*Dvi* REC : KAACL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>LG-----NIN<sup>S</sup>VLLV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SM<sup>S</sup>IL<sup>S</sup>QNCAQITERGAHV<sup>S</sup>SG<sup>S</sup>KRGAQAANQLG<sup>S</sup>TS<sup>S</sup>FCGRNKR-<sup>S</sup>VDAGALL<sup>S</sup>MA  
  
*Aga* MCM8 : KAGLL<sup>S</sup>LGL<sup>S</sup>FGCMANTAR-----TRAET<sup>S</sup>IHVLLV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>IL<sup>S</sup>QSCANVSPRGI<sup>S</sup>FVCG<sup>S</sup>TNS<sup>S</sup>SNVGL<sup>S</sup>TVT<sup>S</sup>VRTEKGVG-<sup>S</sup>ASLEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Hsa* MCM8 : KAGLALAL<sup>S</sup>FGCSQKYADDKNRIPIRGDP<sup>S</sup>IHLV<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>QAACNVAPRGVYVCG<sup>S</sup>NTTT<sup>S</sup>SGL<sup>S</sup>TVT<sup>S</sup>SKDSSSGDFAL<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLC  
*Ath* MCM8 : KAGITLS<sup>S</sup>LFGCVRKHSMDRNKVPVRGD<sup>S</sup>IHVLLV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>QAAAAISPRGIYVCG<sup>S</sup>NAT<sup>S</sup>TTRAGL<sup>S</sup>TVAV<sup>S</sup>VKDSMTNDYAF<sup>S</sup>LEAGAM<sup>S</sup>VLA  
*Ecu* MCM8 : KVGLVLS<sup>S</sup>LFGC---TKKSAGQHSIRSET<sup>S</sup>IHVLLV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SR<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>STCGILPKSSYVSG<sup>S</sup>SFTT<sup>S</sup>TAGL<sup>S</sup>TVS<sup>S</sup>LTHDPVSGEYMA<sup>S</sup>DAGAL<sup>S</sup>VVA  
*Ehi* MCM8 : KTAIVLV<sup>S</sup>LFGC----TRKHDIAKIRADS<sup>S</sup>IHLV<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>RAVANIVPRGVYVSG<sup>S</sup>SST<sup>S</sup>TK<sup>S</sup>TGL<sup>S</sup>TVAL<sup>S</sup>HRYSGTSDFTL<sup>S</sup>ES<sup>S</sup>GAL<sup>S</sup>VLC  
  
*Hsa* MCM9 : KLAVAMV<sup>S</sup>LACGIQRTDATGT--RVRGES<sup>S</sup>IHL<sup>S</sup>LVGD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KYAAKITPRSVL<sup>S</sup>TTG<sup>S</sup>IGST<sup>S</sup>SAG<sup>S</sup>IVCDNFK  
*Ath* MCM9 : KLAVALT<sup>S</sup>LIGCVQHVDA-----ES<sup>S</sup>IHL<sup>S</sup>LVGD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KFAAKLSNRAVI<sup>S</sup>TTG<sup>S</sup>LGST<sup>S</sup>SAG<sup>S</sup>LTVAVKD--GGEWML<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Aga* MCM9 : KLAIALAL<sup>S</sup>ASCTERVGDGEQATVRGHS<sup>S</sup>IHL<sup>S</sup>LVGD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>LAK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KYASEIASRAVYTT<sup>S</sup>CMGCS<sup>S</sup>SAG<sup>S</sup>LTAADV<sup>S</sup>KD--EGEWOL<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Ecu* MCM9 : KLGLLLAL<sup>S</sup>VSG---SHGADQKSGTRSNS<sup>S</sup>IHL<sup>S</sup>LVGD<sup>S</sup>SGT<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SH<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KTCSRL<sup>S</sup>LSPAVL<sup>S</sup>TTC<sup>S</sup>VGTT<sup>S</sup>QAGL<sup>S</sup>TTCAVRQ--REWVL<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Ehi* MCM9 : KLAVMLVAT<sup>S</sup>CGISRIDKES-----TIHL<sup>S</sup>LVGD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KFASKLGP<sup>S</sup>RHVQTT<sup>S</sup>CGGT<sup>S</sup>T<sup>S</sup>SAG<sup>S</sup>LTVS<sup>S</sup>VINI--GGELS<sup>S</sup>LDAGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Hsa* MCM5 : KKAIA<sup>S</sup>ACL<sup>S</sup>LFGCSRKRLPDG--L<sup>S</sup>TRRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NL<sup>S</sup>LML<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KFVEKCSPIGVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KGS<sup>S</sup>SAAGLTAS<sup>S</sup>VMRDPSSRNFI<sup>S</sup>MEAGAM<sup>S</sup>VLA  
*Dme* MCM5 : KKAIT<sup>S</sup>CM<sup>S</sup>LFGCSRKRLPDG--L<sup>S</sup>CRRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KFVEKVAPIAVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KGS<sup>S</sup>SAAGLTAS<sup>S</sup>VMKDPQTRNFV<sup>S</sup>MEAGAM<sup>S</sup>VLA  
*Ath* MCM5 : KRAAA<sup>S</sup>ACL<sup>S</sup>LFGCSRKSLPDG--V<sup>S</sup>KLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KFVEKTAPIAVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KGS<sup>S</sup>SAAGLTAS<sup>S</sup>VMRDSSTREFY<sup>S</sup>LEGGAM<sup>S</sup>VLA  
*Ehi* MCM5 : KEAVL<sup>S</sup>CL<sup>S</sup>MLGCSGKALPDG--T<sup>S</sup>HLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KFVQMATPIGVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KGS<sup>S</sup>SAAGLTAAV<sup>S</sup>NKDSSTGEFY<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLC  
*Gla* MCM5 : KRAIA<sup>S</sup>ACL<sup>S</sup>LFGCTNKYTQE----L<sup>S</sup>LRGN<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>IS<sup>S</sup>DPGL<sup>S</sup>GK<sup>S</sup>SE<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>LEASRLAPIGIY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KST<sup>S</sup>SAVGLTAAV<sup>S</sup>MRDKATSEFF<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Hsa* MCM2 : KRGLALAL<sup>S</sup>FGCEPKNPGGK--HKV<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>CG<sup>S</sup>DPGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KYIEKVSSRAIF<sup>S</sup>TTG<sup>S</sup>QGAS<sup>S</sup>AVGLTAY<sup>S</sup>VQRHPVSREW<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Dme* MCM2 : KRALALAL<sup>S</sup>FGCESKNPGEK--HKV<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NLL<sup>S</sup>CG<sup>S</sup>DPGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KYTEKVAPRAV<sup>S</sup>TTG<sup>S</sup>QGAS<sup>S</sup>AVGLTAY<sup>S</sup>VRNPVSREW<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Ath* MCM2 : KTA<sup>S</sup>LALAL<sup>S</sup>FGCQEKNIKGK--H<sup>S</sup>RLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KYVEKTQRAVY<sup>S</sup>TTG<sup>S</sup>KGAS<sup>S</sup>AVGLTAAV<sup>S</sup>HKDPVTREW<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
*Ehi* MCM2 : KAAIALAL<sup>S</sup>FGCEQRVLVDKGNHRT<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NVLL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KYSQKLAPRAV<sup>S</sup>TTG<sup>S</sup>RGST<sup>S</sup>AVGLTAAV<sup>S</sup>KDSMNGEWAL<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Gla* MCM2 : KQAIL<sup>S</sup>MAL<sup>S</sup>VGGISALDGGASRFR<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>HML<sup>S</sup>IL<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGV<sup>S</sup>SK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KYVQHISPCKVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KGS<sup>S</sup>SAAGLTVS<sup>S</sup>VKSSVTGEFY<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA  
*Hsa* MCM3 : KKA<sup>S</sup>IL<sup>S</sup>CL<sup>S</sup>LLGGVERDLENG--SHI<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NILL<sup>S</sup>IG<sup>S</sup>DP<sup>S</sup>VA<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>RYVLC<sup>S</sup>TAPRAI<sup>S</sup>PTT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>TTDQETGERR<sup>S</sup>LEAGAM<sup>S</sup>VLA  
*Dme* MCM3 : KQAIL<sup>S</sup>CL<sup>S</sup>LLGCVEKILPNG--TRL<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NILL<sup>S</sup>IG<sup>S</sup>DP<sup>S</sup>VA<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>RYVLC<sup>S</sup>TAPRAI<sup>S</sup>PTT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>TTDQETGERR<sup>S</sup>LEAGAM<sup>S</sup>VLA  
*Ath* MCM3 : KKA<sup>S</sup>VLL<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>GCVEKNLKN--T<sup>S</sup>HLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NMM<sup>S</sup>VM<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PS<sup>S</sup>VA<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>RAIMNIAP<sup>S</sup>LAIST<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>TTDQETGERR<sup>S</sup>LEAGAM<sup>S</sup>VLA  
  
*Ehi* MCM3 : KKA<sup>S</sup>ILL<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>VGATPKIRLR---SRV<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>HV<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>CG<sup>S</sup>DPST<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>RYVMSIAP<sup>S</sup>LAVST<sup>S</sup>TC<sup>S</sup>RGAT<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>VNDPDTNQR<sup>S</sup>LEAGAM<sup>S</sup>VLA  
*Gla* MCM3 : KR<sup>S</sup>GIVL<sup>S</sup>QL<sup>S</sup>LLGCVPREFSS--SRIR<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NILL<sup>S</sup>IG<sup>S</sup>DP<sup>S</sup>SA<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>RVV<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>LM<sup>S</sup>PVSVQ<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>VIDGTTGERR<sup>S</sup>LD<sup>S</sup>FGA<sup>S</sup>VLA  
  
*Hsa* MCM7 : KKA<sup>S</sup>LLLL<sup>S</sup>LVGCV<sup>S</sup>D-QSPRG--MKIR<sup>S</sup>GN<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NIC<sup>S</sup>LM<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGV<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>SYIDRLAPRSQY<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>LRDSVSGEL<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
*Dme* MCM7 : KKA<sup>S</sup>LLLL<sup>S</sup>LVGCV<sup>S</sup>D-KRPDG--MKIR<sup>S</sup>GN<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NIC<sup>S</sup>LM<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGV<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>GYISRLAVRSQY<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>MKDPLTGEM<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Ath* MCM7 : KKA<sup>S</sup>LLLL<sup>S</sup>LVGAPHRQLKDG--MKIR<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>HIC<sup>S</sup>LM<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGV<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>KHIINVAPRGVY<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GVGLTAAV<sup>S</sup>MRDQVTNEM<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Ehi* MCM7 : KKA<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>TVGAPTRRMKDG--VSI<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NT<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>VGEPGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>RAVAGVAPRSVY<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>GRGSS<sup>S</sup>GA<sup>S</sup>GLTAAV<sup>S</sup>IRDQLTKEW<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Gla* MCM7 : KLA<sup>S</sup>CL<sup>S</sup>LVGCNEIVVPDM---KVR<sup>S</sup>GN<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NT<sup>S</sup>LV<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PGCA<sup>S</sup>SAL<sup>S</sup>LKFTCTIAERGIYV<sup>S</sup>AG<sup>S</sup>RGAS<sup>S</sup>GAGLTTAAIRIPGTTDYS<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VIA  
  
*Hsa* MCM6 : KRGVLL<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>FGCPKTTG-EG--T<sup>S</sup>SLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NV<sup>S</sup>CI<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PS<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KHVEEFSPRAVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KASSAAGLTAAV<sup>S</sup>VRDEESHEFY<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>MVA  
  
*Dme* MCM6 : KRGI<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>FGCAKTTT-EK--T<sup>S</sup>SLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NV<sup>S</sup>CI<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PS<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KQVSDFS<sup>S</sup>PRAIY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KASSAAGLTAAV<sup>S</sup>VRDEESDFVY<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>MVA  
  
*Ath* MCM6 : KRAVLL<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>LGGHKTH-EG--I<sup>S</sup>NLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NV<sup>S</sup>CI<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PS<sup>S</sup>CA<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KYTAGIVPRSVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KSSAAGLTAT<sup>S</sup>VAKEPETGEFC<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>MVA  
  
*Ehi* MCM6 : KKGILL<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>FGCHKTK-EG--I<sup>S</sup>ALRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NT<sup>S</sup>CI<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PS<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>FL<sup>S</sup>KCVSTIHPRCIY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KASSAAGLTAAV<sup>S</sup>LKDPETGDFN<sup>S</sup>LEAGAM<sup>S</sup>MVA  
  
*Gla* MCM6 : KLGI<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>QL<sup>S</sup>LGCCKITRSEH---L<sup>S</sup>SIRSD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NILL<sup>S</sup>IG<sup>S</sup>DP<sup>S</sup>TA<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>QYTADFHQAVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KSSAAGLTAAV<sup>S</sup>VTDPDTGEY<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>IRA  
  
*Hsa* MCM4 : KKGILL<sup>S</sup>QL<sup>S</sup>FGCTRKDFSH---TKF<sup>S</sup>RAE<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NILL<sup>S</sup>CG<sup>S</sup>DPG<sup>S</sup>TS<sup>S</sup>KS<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>QYVYVNLVPRGQY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KSSAVGLTAY<sup>S</sup>VMKDPETRQLV<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLS  
  
*Dme* MCM4 : KKGILL<sup>S</sup>QL<sup>S</sup>FGCTKKKHAT---L<sup>S</sup>NFRSE<sup>S</sup>I<sup>S</sup>HLL<sup>S</sup>CG<sup>S</sup>DPG<sup>S</sup>TS<sup>S</sup>KS<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>QYVFNLVPRSQY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>RGSSAVGLTAY<sup>S</sup>TKDPETRQLV<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLA  
  
*Ath* MCM4 : KKGLL<sup>S</sup>COL<sup>S</sup>FGCNALNLAS---GN<sup>S</sup>FRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NILL<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PG<sup>S</sup>TS<sup>S</sup>KS<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>QYIHKLSPRGIY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>RGSSAVGLTAY<sup>S</sup>VAKDPETGETV<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VLS  
  
*Ehi* MCM4 : KKGLL<sup>S</sup>COL<sup>S</sup>FGCSAKTLQD---N<sup>S</sup>KLRGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>NI<sup>S</sup>LM<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>PG<sup>S</sup>TS<sup>S</sup>KS<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>TFMHK<sup>S</sup>VAPRGM<sup>S</sup>Y<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>RGSSAVGLTAF<sup>S</sup>VGKS-EEGGTV<sup>S</sup>LEGGAL<sup>S</sup>VMS  
  
*Gla* MCM4 : KTGLLL<sup>S</sup>Q<sup>S</sup>FGCVQKDS-----Y<sup>S</sup>RGD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>HVLL<sup>S</sup>VGD<sup>S</sup>PG<sup>S</sup>LAK<sup>S</sup>SK<sup>S</sup>LL<sup>S</sup>QYVAKISPRSVY<sup>S</sup>TSG<sup>S</sup>KSSQAGLTAT<sup>S</sup>VS<sup>S</sup>RHPETHEFY<sup>S</sup>LD<sup>S</sup>FGALL<sup>S</sup>LS  
  
*Ssu* MCM : KEALALAL<sup>S</sup>FGCVPKVLED---TRIR<sup>S</sup>GD<sup>S</sup>I<sup>S</sup>HILL<sup>S</sup>IG<sup>S</sup>DPGI<sup>S</sup>AK<sup>S</sup>SQ<sup>S</sup>ML<sup>S</sup>QFISRVAPRAVY<sup>S</sup>TT<sup>S</sup>CGST<sup>S</sup>AAAGLTAAV<sup>S</sup>VRREKGTGEY<sup>S</sup>LEAGAL<sup>S</sup>VLA

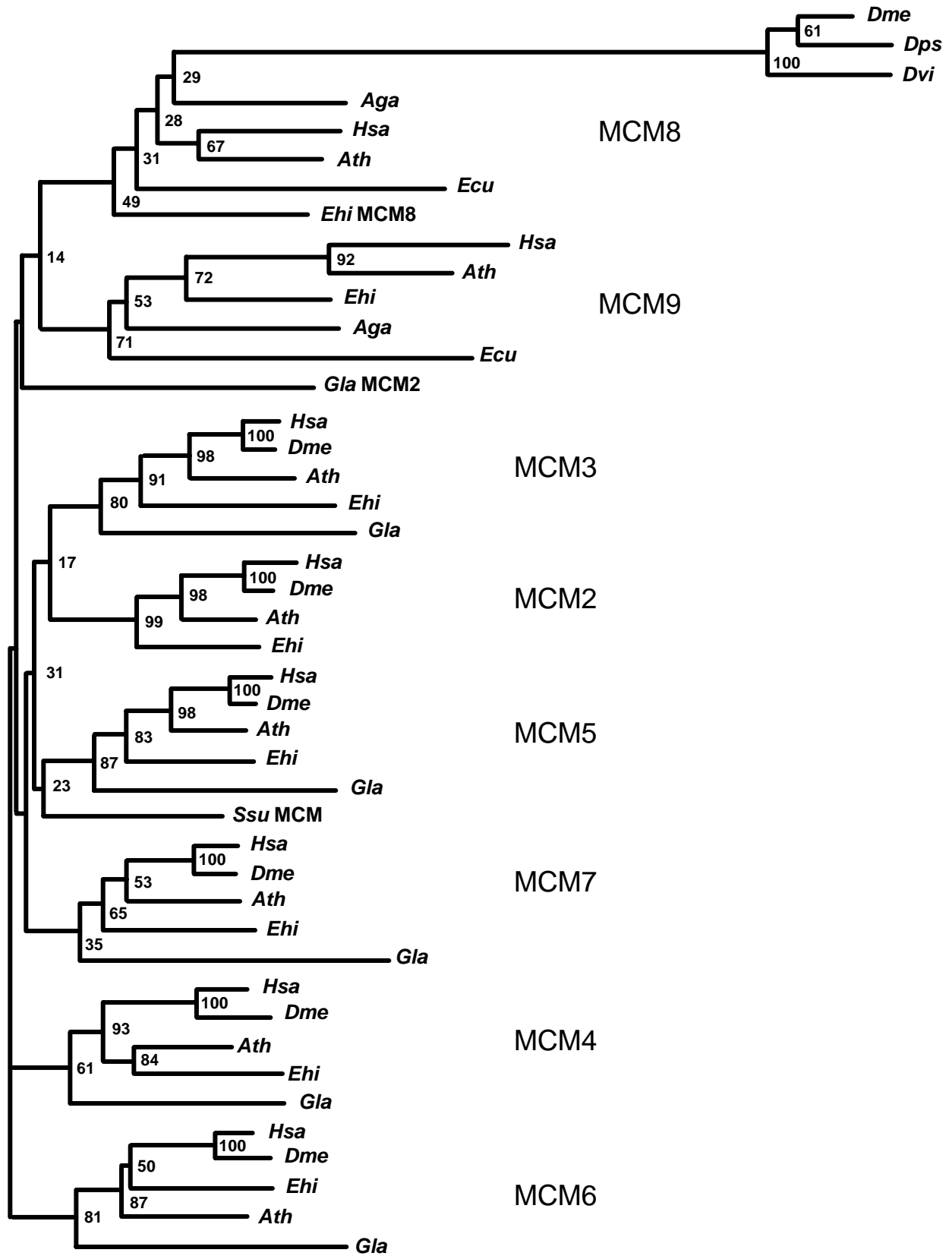
consensus K.AU...U&GG.....R..INUUUGDPG.AKSQ&L.....TSG...S..GLT..V.....UEAGAUUUA  
G H S G VT T DG

## Walker B

## RF

*Dme* REC : SGGGHCTLDVVDK LASKQAV-LLQCLQSEEVN LPLAGAFASFPAPQSVIACANPQRGOYDE---GRYLLQNIHITSPSLLREHFLVYVILLD  
*Dps* REC : SSPGHCTLDVVDK LASKQAV-LLQCMQSGEINMPLPGAFSTFLAQPSIIACANPQRGOYDE---GRYLLQNIHITVPSLLKEHFLVYVILLD  
*Dvi* REC : GTAGTCLVDGVDK LASKQTL-LLQCMQAGELNMPLPGLFASFEAQPAIIACANPQRGOYDQ---ARYLLQNIHITTAALLKEHFLVYVILLD  
  
*Aga* MCM8: DQGV-CCIDEFDKMS--GHSGLLEVMEOQRSVSAKAGVICTY PARTTVLAAANPAGGHYK---AKTVSENLKHPALLSRFDLVFILLD  
*Hsa* MCM8: DQGI-CCIDEFDKMGN-QHQALL EAMEQQSISLAKAGVCSLPARTSIIAAANPVGGHYK---AKTVSENLKMGSAALLSRFDLVFILLD  
*Ath* MCM8: DGGL-CCIDEFDKMTT-EHQALL EAMEQQCVSAKAGLVASLSARTSVIAAANPVGGHYNR---AKTVNE NLKMSAALLSRFDLVFILLD  
*Ecu* MCM8: DNGI-CCIDEFDKID--DHAALFEAMEDQKYSIAKGGVICSVPTRATVIAAATNPRHGHFDR---GKTMAENIRFDPGLLSRFDLIFLLLD  
*Ehi* MCM8: DQGV-CCIDEFDKMERADYSSL EAMEQQSISIAKAGICTL LARTSVIAAANPVEGHFNC---GKTVSENLNMPSPLLSRFDLIFVLLD  
  
*Ath* MCM9: DGGL-CCIDEFDSMREHDRATIEHEAMEQQSISVAKAGLVTTLSTKTIIFGATNPK-GQYDPDQYTKNPEWDAVL SVQIEQDR EVDLTTI  
*Aga* MCM9: DGGI-CCIDEFNLMRETDKASTIEHEAMEQQTISVAKAGMVCKLSTRCVLAAATNPK-NLYTMSDGLGKSAENIGGGP LLSRFDMMVILKD  
*Ecu* MCM9: DTGL-CCIDEFNKLVKNEKNGLLEAMEQQTLSIAKAGIVSSLNTRCSVIAAATNTRHKYSFN---KSISENITVATP-LISRFDLIFGLFD  
*Ehi* MCM9: DGGV-CCIDEFSGINKSDRADIEHEAMEQQTLSVAKAGIVSOLHTRTAILAATNPK-GRYDP---TKSMSLNTAIDPPLL SRFDIILLLLD  
  
*Hsa* MCM5: DGGV-VCIDEFDKMRDDRVAIEHEAMEQQTISIAKAGITTTLSNRCSVLAANPVFGRWDE---TK-GEDNIDFMPTILSRFDMIFIVKD  
*Dme* MCM5: DGGV-VCIDEFDKMRDDRVAIEHEAMEQQTISIAKAGITTTLSNRCSVLAANPVIFGRWDD---TK-GEENIDFMPTILSRFDMIFIVKD  
*Ath* MCM5: DGGV-VCIDEFDKMRPEDRVAIEHEAMEQQTISIAKAGITTVLSNRCSVLAANPVPSGRYD---LTKAQDNIDLQTTILSRFDLIFIVKD  
*Ehi* MCM5: DGGV-VCIDEFDKMNEDRVAIEHEAMEQQTISIAKAGITAVLNARSVLAANPVSFGRFNE---RASFGDNVNLKTTILSRFDMIFMIRD  
*Gla* MCM5: DKGI-VCIDEFDKMNEDRVAIEHEAMEQQSISISKAGISTTLNARTSILAAANPTLGRFDD---FQKAADQIDFSVTILSRFDLVFMLKD  
*Hsa* MCM2: DRGV-CLIDEFDKMNQDRTSIEHEAMEQQSISISKAGIVTSLQARCTVIAAANPIGGRYDP---SLTFSENVNLTETIISRFDLFCVVRD  
*Dme* MCM2: DQGV-CLIDEFDKMNQDRTSIEHEAMEQQSISISKAGIVTSLQARCTVIAAANPIGGRYDP---SMTFSENVNLTSEPILSRFDVLCVVKD  
*Ath* MCM2: DRGI-CLIDEFDKMNQDRVSIHEAMEQQSISISKAGIVTSLQARCSVIAAANPVGGRYDS---SKSFAQNVELTDPILSRFDLFCVVKD  
*Ehi* MCM2: DEGV-CLIDEFDKMDQDRTSIEHEAMEQQSISISKAGIVTSLKARCSVIAAANPKTGKYNP---NKLNQNVNLTETIISRFDLIMIVRD  
*Gla* MCM2: NGGI-CLIDEFDKMNIDRTALHQAMEQQTISVAKAGIISTLEARAGIAAANPVSGQYVS---SLPVTCLNLTIGDALMSRFDLFCVVKD  
*Hsa* MCM3: DRGV-VCIDEFDKMSDMRTAIEHEVMEQGRVTIAKAGIHARLNARCSVLAANPVYGRYDQ---YKTPMENIGLQDSLLSRFDLLFIMLD  
*Dme* MCM3: DRGV-VCIDEFDKMSDIDRTAIEHEVMEQGRVTISKAGIHASLNARCSVLAANPVYGRYDQ---YKTPMENIGLQDSLLSRFDLIFVMLD  
*Ath* MCM3: DKGI-VCIDEFDKMNQDRVAIEHEVMEQQTIVTIAKAGIHASLNARCSVIAAANPIYGTYDR---SLTPTKNIGLQDSLLSRFDLIFVLD  
*Ehi* MCM3: DRGI-VCIDEFDKMSIEDRAAMHEVMEQQTIVTQKAGIHTALNARCSVLAANPVSNQYDV---KKSPMENLYFPESLLSRFDLIFIIID  
*Gla* MCM3: DKGV-LLIDEFDKVDADRALLHEALEQQSISISKAGLHCTLNARCSVLAANPVYGFDP---KRSFAENIALPDSLLSRFDLVFLVRD  
*Hsa* MCM7: DQGV-CCIDEFDKMAEADRTAIEHEVMEQQTISIAKAGILTTLNARCSVLAANPVYGRYDQ---YKTPMENIGLQDSLLSRFDLIFVMLD  
*Dme* MCM7: DQGV-CCIDEFDKMDQDRVAIEHEVMEQQTISIAKAGIMTTLNARVSI LAANPVAFGRYNP---RRTVEQNIQLPAALLSRFDLLWLIQD  
*Ath* MCM7: DMGI-CAIDEFDKMDSDRTAIEHEVMEQQTISIAKAGITTSLNARTAVLAAANPAWGRYDL---RRTPAENINLPPALLSRFDLLWLIQD  
*Ehi* MCM7: DMGI-CCIDEFDKMDSDRTAIEHEVMEQQSISIAKAGITTSLNARVSI VAAANPIKARYDI---RKSVDENINLPAALVSRFDLLFVLLD  
*Gla* MCM7: DQGV-CAIDEFDKLEADRTAIEHEVMEQQTISVAKAGITATLNARATVIAAANPKFSIWDP---SISVSNINLPEALISRFDLIFVIRD  
*Hsa* MCM6: DNGV-CCIDEFDKMDVRDQVAIEHEAMEQQTISITKAGVKATLNARTSILAAANPISGHYDR---SKSLKONINLSAPIMSRFDLFFILVD  
*Dme* MCM6: DNGI-CCIDEFDKMDQRDQVAIEHEAMEQQTISIAKAGV RATLNARTSILAAANP INGRYDR---SKSLQONIQLSAPIMSRFDLFFILVD  
*Ath* MCM6: DNGI-CCIDEFDKMDIKDQVAIEHEAMEQQTISITKAGIQATLNARTSILAAANPVGGRYDK---SKPLKYNVNLPPAILSRFDLVYVMID  
*Ehi* MCM6: DNGV-CCIDEFDKMDYFNQVALHEAMEQQTISIAKGG LHATLNARAAVLAANPLKGRYDS---NRSLKSNLNTIGDALMSRFDLFFVLLD  
*Gla* MCM6: DGGL-CLIDEFEKISVTDQTALHECLEQQSVSINKAGISITLAKATPVLAANPIGSRYQR---NKSLKNNINISQPIISRFDLAFVLLD  
*Hsa* MCM4: DNGI-CCIDEFDKMNSTRSVLHEVMEQQTLSIAKAGICQLNARTSVLAANPIESQWNP---KKTITIENIQLPHTLLSRFDLIFLLLD  
*Dme* MCM4: DNGV-CCIDEFDKMNSTRSVLHEVMEQQTLSIAKAGICQLNARTSILAAANPAESQWNK---RKNIIDNVQLPHTLLSRFDLIFVLLD  
*Ath* MCM4: DRGI-CCIDEFDKMSDSARSMLHEVMEQQTVSIAKAGIASLNARTSVLAANP SGRYNP---RLSVIENIHLPTLLSRFDLIYLLD  
*Ehi* MCM4: DKGL-CCIDEFDKMTMTRSVLHEAMEQQTISVAKSGIVCSLNARTAILAANPKESRYNP---KLSVLDNIOMPPSLLSRFDLIYLLD  
*Gla* MCM4: DGGI-CCIDEFDKSSDVRSSLHEVMEHGQLSIAKAGILATLSAKTISILAAANPIDSCYNP---KRTVVQNLNLPSPSLLSRFDLIYLLD  
*Ssu* MCM : DGGI-AVIDEFDKMRDDRVAIEHEAMEQQTISIAKAGIVAKLNARAAVIAAGNPKFGRYIS---ERPVSNDINLPTILSRFDLIFILKD

consensus D.GU.C.IDEFDKM.....U.E.MEQ..USU.KAGU...L..K..UUAANP....@D.....NU.U...UUSRFDLU.UU.D  
 V N



0.1

**Table S1.** Sequences Used for Phylogenetic Analysis

Species <sup>a</sup>	MCM2 <sup>b</sup>	MCM3	MCM4	MCM5	MCM6	MCM7	MCM8	MCM9
<i>Hse</i>	NP_004517.2 294-802	NP_002379.2 113-653	NP_005905.2 271-768	NP_006730.2 137-649	NP_005906.2 123-656	NP_005907.3 149-641	NP_115874.3 207-748	NP_694987.1 112-391
<i>Dme</i>	NP_477121.1 279-779	NP_511048.2 110-647	NP_477185.1 274-771	NP_524308.2 132-648	NP_511065.1 117-648	NP_523984.1 149-641	NP_732072.1 246-792	NA
<i>Cel</i>	NP_496558.1 270-776	NP_506706.1 118-650	NP_490962.1 234-729	NP_497858.1 137-672	NP_499170.1 122-659	NP_504199.1 161-651	NA	NA
<i>Sce</i>	NP_009530.1 306-845	NP_010882.1 168-737	NP_015344.1 314-833	NP_013376.1 148-688	NP_011314.2 276-835	NP_009761.1 227-724	NA	NA
<i>Ecu</i>	NP_584768.1 202-687	NP_597158.1 95-578	NP_584640.1 143-621	NP_585790.1 116-614	NP_597420.1 112-623	NP_597059.1 147-618	NP_586386.1 108-607	NP_585977.1 50-525
<i>Ath</i>	NP_175112.1 312-819	NP_199440.1 104-634	NP_179236.3 346-748	NP_178812.1 134-643	NP_680393.1 120-655	NP_192115.1 143-637	NP_187577.1 145-677	NP_179021.2 120-569
<i>Ehi</i>	EAL50675.1 355-860	EAL47986.1 10-530	EAL43702.1 95-576	EAL43398.1 134-621	EAL48722.1 132-654	EAL45421.1 160-654	EAL48818.1 119-642	EAL49553.1 12-503
<i>Pfa</i>	NP_702065.1 306-844	NP_703613.1 196-785	NP_705078.1 294-908	NP_701481.1 165-677	NP_705435.1 210-750	NP_704017.1 209-717	NP_701477.1 172-927	NP_702813.1 430-1389
<i>Lma</i> <sup>c</sup>	LmjF28.0850 315-861	LmjF33.2700 136-692	CAB59865.1 251-879	LmjF24.0910 139-718	LmjF28.2385 157-701	CAB55370.1 144-645	CAB89596.2 192-863	LmjF35.4910 119-621
<i>Gla</i>	EAA40971.1 343-967	EAA36979.1 100-802	EAA40854.1 185-715	EAA38067.1 124-651	EAA40537.1 139-792	EAA40792.1 118-625	NA	NA

<sup>a</sup> For abbreviations, see Figure 2 legend.

<sup>b</sup> Accession and version numbers are given, along with coordinates of residues used in alignments. NA = not applicable

<sup>c</sup> BLAST searches for *Leishmania major* were performed at the GeneDB site,

<http://www.genedb.org/genedb/leish/blast.jsp>.

**Table S2.** Polymorphisms Used for Conversion Tract Length Determination

Position <sup>a</sup>	Genome <sup>b</sup>	<i>ry</i> <sup>531</sup>	<i>ry</i> <sup>606</sup>
-3009 (-3020*)	A	<b>G</b>	<b>A</b>
-2882 (-2893*)	A	<b>G</b>	<b>A</b>
-2871 (-2882*)	G	<b>T</b>	<b>G</b>
-2646 (-2657*)	T	<b>C</b>	<b>T</b>
-2565 ^ -2564	-	ATAGCTTGGAG	ATAGCTTGGAG
-2562	A	T	T
-2539	A	G	G
-2399	C	A	A
-2099	A	G	G
-2069	T	A	A
<b>-2010*</b>	<b>C</b>	<b>G</b>	<b>C</b>
-1891	C	A	A
-1830	C	T	T
-1827	C	T	T
-1708	C	T	T
<b>-1316*</b>	<b>C</b>	<b>C</b>	<b>T</b>
<b>-1061*</b>	<b>A</b>	<b>A</b>	<b>T</b>
<b>-1030 ^ -1029*</b>	<b>-</b>	<b>T</b>	<b>-</b>
<b>-996*</b>	<b>T</b>	<b>G</b>	<b>T</b>
<b>-937*</b>	<b>A</b>	<b>A</b>	<b>T</b>
-913	G	A	A
<b>-910*</b>	<b>G</b>	<b>G</b>	<b>A</b>
<b>-698*</b>	<b>T</b>	<b>A</b>	<b>T</b>
<b>-686 ^ -685*</b>	<b>----</b>	<b>GGGT</b>	<b>----</b>
<b>-679*</b>	<b>G</b>	<b>A</b>	<b>G</b>
-677	T	C	C
<b>-668*</b>	<b>T</b>	<b>A</b>	<b>T</b>
<b>-667*</b>	<b>A</b>	<b>G</b>	<b>A</b>
<b>-636*</b>	<b>C</b>	<b>A</b>	<b>C</b>
<b>-468* <i>ry</i><sup>606</sup></b>	<b>G</b>	<b>G</b>	<b>A</b>
<b>-44*</b>	<b>C</b>	<b>T</b>	<b>C</b>
<b>467*</b>	<b>T</b>	<b>C</b>	<b>T</b>
689	G	A	A
<b>736*</b>	<b>G</b>	<b>A</b>	<b>G</b>
<b>767*</b>	<b>G</b>	<b>A</b>	<b>G</b>
<b>777*</b>	<b>G</b>	<b>A</b>	<b>G</b>
1032	T	C	C
<b>1153*</b>	<b>C</b>	<b>C</b>	<b>T</b>
1534	A	T	T
1559	T	C	C
<b>1596*</b>	<b>G</b>	<b>G</b>	<b>T</b>
1680	G	C	C
<b>2653*</b>	<b>G</b>	<b>T</b>	<b>G</b>
2710	T	C	C
<b>2957*</b>	<b>T</b>	<b>T</b>	<b>C</b>
<b>3148*</b>	<b>C</b>	<b>C</b>	<b>T</b>
<b>3312* <i>ry</i><sup>531</sup></b>	<b>G</b>	<b>A</b>	<b>G</b>
3388	T	C	C
<b>3529*</b>	<b>T</b>	<b>T</b>	<b>C</b>
<b>3557*</b>	<b>G</b>	<b>G</b>	<b>A</b>
3671	T	G	G
<b>3703*</b>	<b>T</b>	<b>T</b>	<b>A</b>

Position <sup>a</sup>	Genome <sup>b</sup>	<i>ry</i> <sup>531</sup>	<i>ry</i> <sup>606</sup>
<b>3723*</b>	C	<b>C</b>	<b>A</b>
4008	A	C	C
4010	G	T	T
4011, 4012	CA	--	--
4032 (4030)	T	C	C
4132 (4130)	A	C	C
4222 (4220)	C	A	A
4272 (4270)	A	T	T
4417 ( <b>4415*</b> )	A	<b>A</b>	<b>C</b>
4741 ( <b>4739*</b> )	A	<b>C</b>	<b>A</b>
4779 ( <b>4777*</b> )	C	<b>G</b>	<b>C</b>

<sup>a</sup> Position of *ry* polymorphisms in the *Drosophila* genome sequence Release 4.1 (Genbank accession number AE003698). Positions in parentheses reflect the numbering of nucleotides in the *ry*<sup>531</sup> and *ry*<sup>606</sup> alleles; positions analyzed in this study are bold and starred. ^ represents the insertion of sequence. Position numbers are relative to an *EcoRI* site in the coding region of *ry*, using the coordinates in Bender *et al.* [52].

<sup>b</sup> Sequence differences between the *Drosophila* genome sequence of *ry* and the alleles used in this study.

**Table S3.** Co-Conversion Data Used for Conversion Tract Length Determination

allele <sup>a</sup>	site <sup>b</sup>	bp <sup>c</sup>	co-conversions / total conversions <sup>d</sup>		
			w.t., RT	w.t., 25° C	rec
531	3148	164	6 / 10	2 / 2	4 / 9
606	-636	168	9 / 12	5 / 5	2 / 9
606	-667	199	8 / 12	5 / 5	2 / 9
606	-668	200	8 / 12	5 / 5	2 / 9
606	-679	211	8 / 12	5 / 5	2 / 9
531	3529	217	5 / 10	0 / 2	2 / 9
606	-685	217	8 / 12	5 / 5	2 / 9
606	-698	230	8 / 12	5 / 5	2 / 9
531	3557	245	5 / 10	0 / 2	2 / 9
531	2957	355	2 / 10	2 / 2	4 / 9
531	3703	391	4 / 10	0 / 2	0 / 9
531	3723	411	3 / 10	0 / 2	0 / 9
606	-44	424	2 / 12	2 / 5	2 / 9
606	-910	442	3 / 12	4 / 5	2 / 9
606	-937	469	3 / 12	4 / 5	2 / 9
606	-996	528	2 / 12	4 / 5	2 / 9
606	-1029	561	1 / 12	3 / 5	2 / 9
606	-1061	593	1 / 12	3 / 5	2 / 9
531	2653	659	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	-1316	848	1 / 12	2 / 5	2 / 9
606	467	935	1 / 12	2 / 5	0 / 9
531	4415	1103	1 / 10	0 / 2	0 / 9
606	736	1204	1 / 12	0 / 5	0 / 9
606	767	1235	1 / 12	0 / 5	0 / 9
606	777	1245	1 / 12	0 / 5	0 / 9
531	4739	1427	0 / 10	0 / 2	0 / 9
531	4777	1465	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	-2010	1542	0 / 12	0 / 5	1 / 9
606	1153	1621	1 / 12	0 / 5	0 / 9
531	1596	1716	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	1596	2064	1 / 12	0 / 5	0 / 9
531	1153	2159	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	-2657	2189	0 / 12	0 / 5	1 / 9
606	-2882	2414	0 / 12	0 / 5	0 / 9
606	-2893	2425	0 / 12	0 / 5	0 / 9
531	777	2535	0 / 10	0 / 2	0 / 9
531	767	2545	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	-3020	2552	0 / 12	0 / 5	0 / 9
531	736	2576	0 / 10	0 / 2	0 / 9
531	467	2845	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	2653	3121	0 / 12	0 / 5	0 / 9
531	-44	3356	0 / 10	0 / 2	0 / 9
606	2957	3425	0 / 12	0 / 5	0 / 9
606	3148	3616	0 / 12	0 / 5	0 / 9

Blanton *et al.* (2005)

<sup>a</sup> Converted allele (selected site).

<sup>b</sup> Position of polymorphic sites in  $ry^{531}$  and  $ry^{606}$ , listed in increasing distance. See Table S2 for description of sites.

<sup>c</sup> Distance from converted allele to unselected site, in base pairs.

<sup>d</sup> Number of co-conversions and number of total conversions for wild type (w.t.) at room temperature (RT) and 25° C and in *rec* mutants.