

Table S2. Numbers used to calculate DSB amount in Figure 2**A. Numbers used in Figure 2A**

genotype	sae2						
	+ tel1	+ tel1					
chromosome	4	7	2	11	3	6	
uncut/total	0.21 0.29	0.24 0.31	0.24 0.35	0.28 0.41	0.48 0.48	0.49 0.53	
	0.17 0.29	0.18 0.29	0.17 0.34	0.24 0.41	0.49 0.42	0.44 0.47	
	0.18	0.16	0.14	0.18	0.46	0.47	
	0.13	0.22	0.20	0.19	0.45	0.49	

B. Numbers used in Figure 2B

genotype	sae2							
	NDT80+			ndt80				
	+ pch2	tel1	+ pch2	tel1	+ pch2	tel1	+ pch2	tel1
chromosome	7		2		7		2	
uncut/total	0.24 0.55 0.31		0.24 0.61 0.35		0.04 0.26 0.12		0.05 0.40 0.18	
	0.18 0.55 0.29		0.17 0.56 0.34		0.03 0.26 0.06		0.03 0.41 0.07	
	0.16		0.14		0.03		0.04	
	0.22		0.20		0.03		0.02	

C. Numbers used in Figure 2C

genotype	<i>rad51 dmc1</i>												
	<i>NDT80+</i>												
	+	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>pch2</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>pch2</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>pch2</i>
chromosome	7										2		
uncut/total	0.29	0.24	0.39	0.65	0.51	0.68	0.26	0.26	0.55	0.76	0.40	0.76	
	0.33	0.24	0.39	0.85	0.43	0.59	0.23	0.30	0.48	0.76	0.46	0.67	
	0.30	0.23	0.50	0.62	0.50	0.78	0.30	0.19					
	0.30	0.20	0.48	0.75	0.47	0.78		0.21					
	0.30	0.21											
	0.35	0.21											
	0.31	0.28											
	0.38	0.23											

genotype	<i>rad51 dmc1</i>												
	<i>ndt80</i>												
	+	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>pch2</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>spo11-HA</i>	<i>pch2</i>	<i>rad17-mn</i>	<i>pch2</i>
chromosome	7										2		
uncut/total	0.26	0.24	0.49	0.25	0.53	0.25	0.22	0.11	0.35	0.26	0.45	0.21	
	0.30	0.17	0.39	0.24	0.44	0.25	0.21	0.11	0.33	0.23	0.38	0.19	
	0.25	0.16					0.18	0.08					
	0.30	0.18					0.20	0.08					