

**Supplementary Table 2.** Southern blot analysis

<b>Gene</b>	<b>Locus</b>	<b>gent probe fragment (bp)</b>	<b>Gene disruption probe fragment (bp)</b>
<i>mutS2</i>	<i>BB0098</i>	3000 <sup>a</sup>	2918
<i>recA</i>	<i>BB0131</i>	2580	1628
<i>recG</i>	<i>BB0581</i>	3031	2322
<i>rep</i>	<i>BB0607</i>	2850	1168
<i>nucA</i>	<i>BB0411</i>	3762	3132
<i>mag</i>	<i>BB0422</i>	1340	395
<i>mfd</i>	<i>BB0623</i>	2023	1326
<i>mutS1</i>	<i>BB0797</i>	1409	725,459,185
<i>recJ</i>	<i>BB0254</i>	1454	400
<i>ruvB</i>	<i>BB0022</i>	3025	2313
<i>ruvA</i>	<i>BB0023</i>	2840	1681
<i>sbcD</i>	<i>BB0829</i>	7395	6458
<i>sbcC</i>	<i>BB0830</i>	1333	456
putative helicase	<i>BBG32</i>	4208	3740
<i>priA</i>	<i>BB0014</i>	5126	4434
<i>mutL</i>	<i>BB0211</i>	5514	4854
<i>nth</i>	<i>BB0745</i>	5303	4530

<sup>a</sup>Expected fragment is 1763bp, the size difference is due to a deletion in an expected Hind III site