000					- Edited				
S. cerevisiae (sacCe	. ‡ (All ‡)	C	io 音 🔹 Þ 🕸 🔳	X 🗖					+
		īV	IX V	VII	x x	XII	XIII XIV	XV XVI	
									=
Gene	degleringen andere habitetete	المطالفين فالطري فيتراه والمتراط	والبعر الدائية طاقية فتقطر ومنا	أتعلم ومطالعه الدوائية ومحطورات	وومعاطيتي الأفراديات الطميرات أدي	فالبنية سأت أستتأنج بالطعيديان	مريقا المعاصب المصبية المعالية	الروبية ومساويت بالأفار ويتنقصهما	
0560-6B				I I I					
C187		ada a ser a ser a ser a	a na mi	an caller com	a di manana ara i	ւ ստուստեստ	a and a con-	daren erredet in an	
3Y4741									
3Y4742									
EN.PK2-1Ca			1			i i			
0273-10B			i i			i i			
BVPG6044			Ü Ü U U		1 001001011111				
L100					1				
Y1679			i i i			i i ir	1 1	i i i	-i
K9-3d			i i i i i		1 1	i i i	i i	· · · ·	
(11	an an da da a		وأربع المتعار		i i dan sa		i ili ili i		
1528	nan in mari			ահան ու ունել ու առաջա					
tedStar				1 11				1	
RM11-1A				i		i i	i	i	
SEY6210		· · · ·	11 11	· · · ·			· · ·		
K1			11 I I I I	· · · · ·		· · · · ·	· · ·		
WOPS05_217_3				na naka mi			վ այս երաստ՝	de els contractos	
V303			11 1			1 11		1	
2180-1A		- i 11	· · ·						1
′55			i i				I I		
'JM339				11 1		111 011			
PH499					- I I				
PS128									
racks loaded chr	1:18,924							99M of 1	f 182N

S1 Fig. Copy number variants in *S. cerevisiae*. Copy number variants (CNVs) were called by the program "CNVnator" based on read coverage depth of each strain genome relative to the reference genome (Abyzov *et al.* 2011). Genomic intervals identified as CNVs in each strain were visualized as blue boxes using the IGV (Integrative Genomics Viewer) tool (Thorvaldsdóttir *et al.* 2012).

References

Abyzov A, Urban AE, Snyder M, Gerstein M. (2011) CNVnator: an approach to discover, genotype, and characterize typical and atypical CNVs from family and population genome sequencing. Genome Res 21(6):974-84.

Thorvaldsdóttir H, Robinson J, Mesirov J. (2012) Integrative Genomics Viewer (IGV): high-performance genomics data visualization and exploration. Briefings in Bioinformatics 14(2).