**Table S2.**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Population/Clone | **PHO84** |  |  | **TRK1** |
| pop C12 | Ser67Cys (N) |   |  | Phe451Leu (N) |
| pop D01 | Leu357Phe (D) |   |  | Glu1011fs (D) |
| pop E03 | Leu387Leu (N) |   |  | wt |
| clone H03a | Val144Ile (N) |   |  | wt |
| clone H03b | Val144Ile (N) |   |  | Asn245Asp (N) |
|   | **IRA2** |  |  | **SYP1** |
| clone A03b | Phe2557fs (D) |   |  | Gln180Glu (N) |
| pop B01 | Glu2774\* (D) |   |  | wt |
| pop C11 | Ile1463fs (D) |   |  | Gly300fs (D) |
| pop D01 | wt |   |  | Ile753Ile (N) |
| clone D10a | Glu2440\* (D) |   |  | wt |
| clone D12a | Ser1292Phe (D) |   |  | wt |
| clone D12b | Ser1292Phe (D)  |   |  | Val126Leu (N) |
| pop H03 | Lys2651Asn (N)  |   |  | wt |
|   | **CYM1** |  |  | **LTE1** |
| pop B03 | wt |   |  | Ser185\* (D) |
| pop C02 | wt |   |  | Lys1138\* (D) |
| pop C03 | wt |   |  | Ala1368fs, Ala748Ser (D) |
| pop C11 | His700Asp (N) |   |  | Ala748Val (N) |
| pop D12 | wt |   |  | Glu653\* (D) |
| pop F02 | Asp145Val (D) |   |  | Glu865\* (D) |
| pop F03 | wt |   |  | Met1062Ile, Gln916Lys (D) |
| clone F10a | wt |   |  | Trp380\* (D) |
| clone F10b | Leu274Ser (N) |   |  | Trp380\* (D) |
| clone G02a | wt |   |  | Trp380\* (D) |
| clone G12b | wt |   |  | Trp1403\* (D) |
|   | **BCK2** | **WHI2** $ | **CWC22** |
| pop C12 | Asp452His(N) | Thr283fs(D) | wt |
| pop D03 | wt | Ala338\* (D) | wt |
| pop E03 | Asn217fs (D) | Leu76fs(D) | wt |
| pop E11 | wt | Gln81\* (D) | Val60Val (N) |
| clone E12a | wt | Gln181\*(D) | Wt |
| clone E12b | wt | Gln181\*(D) | wt |
| clone F11a | wt | Gln29\*(D) | Leu526Phe (N) |
| clone F11b | wt | Gln29\*(D) | wt |
| pop G01 | wt | Glu168Gly (D) | wt |
| clone G02a | Arg370\*, Pro57Leu (D) | Ser72\*(D) | wt |
| clone G02b | Arg370\* (D) | Ser72\*(D) | wt |
| pop G11 | wt | Asn275fs(D) | Cys245Gly (N) |
| clone H11a | wt | Leu76fs, Ala310Pro (D) | Thr183Pro (N) |
| clone H11b | wt | Leu76fs, Ala310Pro (D) | Thr183Pro (N) |

**Evolved alleles of genes in top 5 putative interactions.**  All mutations to genes in the top 5 significant pairs are listed along with their PROVEAN predicted effect (cutoff = -2.5) ; (N) neutral, (D) deleterious. $*WHI2* putatively interacts with both *CWC22* and *BCK2*.  Mutations are homozygous. Fixed alleles are identified by population and non-fixed alleles are identified by clone. All genotype data published previously in reference (30).