

	Sequence	Method	Ka	Ks	Ka/Ks	P-Value(Fisher)
0	12-12	YN	0.001433	NaN	NaN	NaN
1	2-31	YN	0.001433	NaN	NaN	NaN
2	5-19	YN	0.002228	0.063307	0.035189	7.994880E-10
3	5-72	YN	0.000718	0.043285	0.016583	3.016540E-07
4	9-793	YN	0.002228	0.063307	0.035189	7.994880E-10
5	C34	YN	0.001440	0.076224	0.018886	1.007110E-11
6	G1	YN	0.001433	NaN	NaN	NaN

(Reference *Candida albicans* SC5314)

	Sequence	Method	Ka	Ks	Ka/Ks	P-Value(Fisher)
0	12-12	YN	0.028101	0.705714	0.039819	3.719830E-49
1	2-31	YN	0.028152	0.686822	0.040989	8.968100E-49
2	5-19	YN	0.027573	0.653068	0.042221	3.439000E-49
3	5-72	YN	0.027474	0.661099	0.041558	1.833190E-48
4	9-793	YN	0.027573	0.653068	0.042221	3.439000E-49
5	C34	YN	0.026757	0.696223	0.038432	4.702790E-51
6	G1	YN	0.028101	0.705714	0.039819	3.719830E-49

(Reference *Candida dubliniensis* CD36)

Supplemental Figure 2. Selection on antimicrobial resistance-associated *ERG11* genes. The Ka/Ks ratios were used to compare missense and silent mutations in *ERG11* coding regions, indicating selection pressure on resistance genes, using reference nucleotide sequences *C. albicans* SC5314 (A) or *C. dubliniensis* CD36 (B).