

Table 4. The frequency of codon usage in highly expressed genes for the six species.

a.a.	Codon	<i>S. cerevisiae</i>	<i>S. paradoxus</i>	<i>S. mikatae</i>	<i>S. bayanus</i>	<i>K. waltii</i>	<i>A. gossypii</i>
Ala	GCU	0.69	0.67	0.68	0.62	0.45	0.35
Ala	GCC	0.24	0.25	0.24	0.31	0.44	0.39
Ala	GCA	0.03	0.03	0.03	0.02	0.03	0.05
Ala	GCG	0.00	0.00	0.01	0.00	0.03	0.16
Arg	CGU	0.13	0.15	0.14	0.15	0.18	0.14
Arg	CGC	0.00	0.00	0.00	0.01	0.03	0.15
Arg	CGA	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Arg	CGG	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.05
Arg	AGA	0.85	0.82	0.84	0.84	0.77	0.63
Arg	AGG	0.01	0.02	0.02	0.01	0.02	0.03
Asn	AAU	0.13	0.15	0.18	0.11	0.07	0.06
Asn	AAC	0.87	0.85	0.82	0.89	0.93	0.94
Asp	GAU	0.43	0.45	0.46	0.39	0.16	0.14
Asp	GAC	0.57	0.55	0.54	0.61	0.84	0.86
Cys	UGU	0.89	0.91	0.92	0.92	0.61	0.43
Cys	UGC	0.11	0.09	0.08	0.08	0.39	0.57
Gln	CAA	0.98	0.97	0.97	0.99	0.56	0.21
Gln	CAG	0.02	0.03	0.03	0.01	0.44	0.79
Glu	GAA	0.95	0.95	0.93	0.96	0.31	0.13
Glu	GAG	0.05	0.05	0.07	0.04	0.69	0.87
Gly	GGU	0.93	0.92	0.93	0.91	0.80	0.52
Gly	GGC	0.05	0.05	0.04	0.07	0.15	0.40
Gly	GGA	0.01	0.02	0.02	0.01	0.04	0.02
Gly	GGG	0.00	0.01	0.01	0.01	0.01	0.06
His	CAU	0.28	0.30	0.33	0.27	0.09	0.08
His	CAC	0.72	0.70	0.67	0.73	0.91	0.92
Ile	AUU	0.48	0.47	0.49	0.38	0.28	0.26
Ile	AUC	0.51	0.51	0.49	0.60	0.71	0.71
Ile	AUA	0.01	0.02	0.02	0.02	0.01	0.02
Leu	UUA	0.16	0.17	0.21	0.16	0.01	0.01
Leu	UUG	0.75	0.71	0.68	0.73	0.67	0.57
Leu	CUU	0.01	0.03	0.02	0.02	0.06	0.05
Leu	CUC	0.00	0.00	0.01	0.01	0.05	0.07
Leu	CUA	0.06	0.06	0.07	0.07	0.12	0.15

Leu	CUG	0.01	0.02	0.02	0.01	0.08	0.15
Lys	AAA	0.17	0.19	0.21	0.15	0.09	0.04
Lys	AAG	0.83	0.81	0.79	0.85	0.91	0.96
Met	AUG	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Phe	UUU	0.21	0.23	0.25	0.16	0.15	0.15
Phe	UUC	0.79	0.77	0.75	0.84	0.85	0.85
Pro	CCU	0.12	0.14	0.15	0.13	0.27	0.18
Pro	CCC	0.00	0.01	0.01	0.02	0.04	0.10
Pro	CCA	0.88	0.85	0.84	0.85	0.67	0.61
Pro	CCG	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.10
Ser	UCU	0.53	0.53	0.57	0.49	0.42	0.29
Ser	UCC	0.36	0.35	0.32	0.41	0.41	0.44
Ser	UCA	0.04	0.04	0.04	0.04	0.03	0.03
Ser	UCG	0.01	0.01	0.01	0.00	0.06	0.17
Ser	AGU	0.03	0.03	0.03	0.03	0.02	0.01
Ser	AGC	0.03	0.03	0.03	0.03	0.06	0.05
Thr	ACU	0.52	0.51	0.53	0.42	0.34	0.22
Thr	ACC	0.44	0.44	0.42	0.55	0.59	0.59
Thr	ACA	0.03	0.04	0.04	0.03	0.04	0.04
Thr	ACG	0.00	0.01	0.01	0.00	0.03	0.15
Trp	UGG	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Tyr	UAU	0.15	0.16	0.18	0.09	0.07	0.07
Tyr	UAC	0.85	0.84	0.82	0.91	0.93	0.93
Val	GUU	0.56	0.55	0.56	0.45	0.33	0.23
Val	GUC	0.41	0.41	0.40	0.51	0.50	0.46
Val	GUA	0.01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.01
Val	GUG	0.03	0.03	0.02	0.02	0.15	0.29

Favored codons comparing with less expressed genes (Table 5) are represented as bold ($P < 0.05$). a.a., amino acid; S, *Saccharomyces*; K, *Kluyveromyces*; A, *Ashbya*.