

Table S2. Genetic association

Species	Gene	R_M	C_h	C_{map}	Z_{nS}
<i>D. melanogaster</i>	<i>Or63a</i>	10	0.005	0.06	0.20
	<i>Or65a</i>	7	0.01	0.08	0.29
	<i>Or65b</i>	1	0.000	0.08	0.66
	<i>Or65c</i>	7	0.02	0.08	0.31
	<i>Or67a</i>	8	0.003	0.07	0.21
	<i>Or67b</i>	1	0.003	0.07	0.52
	<i>Or67c</i>	4	0.001	0.06	0.33
	<i>Or69a</i>	13	0.01	0.05	0.27
<i>D. pseudoobscura</i>	<i>Or63a</i>	14	2.10	0.37	0.14
	<i>Or65b1</i>	11	0.09	0.37	0.20
	<i>Or65b2</i>	2	0.02	0.22	0.31
	<i>Or65b4</i>	3	0.00	0.22	0.42
	<i>Or65b5</i>	6	0.02	0.22	0.39
	<i>Or67a</i>	11	0.06	0.33	0.22
	<i>Or67b</i>	0	0.21	0.37	0.53
	<i>Or67c</i>	11	1.18	0.30	0.15
<i>Or69a</i>	2	0.09	0.30	0.15	

R_M , minimum number of recombination events in the history of the sample; C_h , recombination parameter per nucleotide according to (Hudson 1987); C_{map} , recombination parameter based on map distances.