

Geographic population structure of the honeybee microsporidian parasite *Vairimorpha (Nosema) ceranae* in the South West Indian Ocean

N. Blot*, J. Clémencet, C. Jourda, P. Lefeuvre, N. Warrit, O. Esnault and H. Delatte

* Correspondence: nicolas.blot@uca.fr

Supplementary Information

The document includes the following supporting materials, in their order of citation in the corresponding article:

Table S1: Screening for <i>Vairimorpha</i> parasites in honeybees	p 2
Table S2: Markers and primers used in the study	p 3
Table S3: Frequency of 636 haplotypes of 83 <i>N. ceranae</i> markers in honeybees	p 4-13
Figure S1: Presence of haplotype in isolates	p 14
Figure S2: Haplotypes distribution in the isolates	p 15-56
Figure S3: Neighbor-Joining clustering of isolates	p 57
Table S4: AMOVA analyses of 83 markers in the 28 SWIO isolates	p 58
Figure S4: Effect of the reduction of sequencing coverage on isolates distribution	p 59
Table S5: List of nucleotide changes in haplotypes	p 60-67
Table S6: Types of polymorphic sites in isolates	p 68
Table S7: Tags and libraries	p 69

Table S1. Screening for Vairimorpha parasites in honeybees in the South Western Indian Ocean (SWIO), in continental Africa and Europe (geographic outgroups) and in Asia (host outgroup). Parasites were screened by the microscopic observation of spores and by PCR. Honeybees were *A. mellifera* species except when indicated in Thailand. n: total number of screened bees.

Country (number of colonies)	% infected bees	
<i>South Western Indian Ocean</i>		
La Réunion (10)	75	(n=20)
Mauritius		
Mauritius (4)	75	(n=24)
Rodrigues (7)	50	(n=8)
Comoros		
Grande Comore / Ngazidja (8)	76,9	(n=13)
Anjouan / Nzwani (6)	25	(n=8)
Moheli / Mwali (3)	37,5	(n=8)
Mayotte (8)	14,3	(n=14)
Seychelles		
Mahé (6)	14,3	(n=7)
Praslin (5)	20	(n=5)
La Digue (2)	71,4	(n=7)
Madagascar		
Ste Marie (2)	25	(n=8)
Continental (26)	0,9	(n=227)
<i>Continental Africa</i>		
Burkina Faso (1)	0	(n=8)
Central Africa (6)	0	(n=34)
Chad (1)	0	(n=6)
Gabon (nd)	0	(n=20)
Kenya (nd)	0	(n=12)
Mozambique (1)	0	(n=1)
Senegal (2)	5,3	(n=38)
South Africa (2)	0	(n=22)
Tanzania (11)	0	(n=197)
Uganda (nd)	0	(n=20)
Zimbabwe (1)	0	(n=5)
<i>Europe</i>		
France (5)	8,3	(n=12)
Spain (2)	0	(n=3)
Portugal (3)	15,4	(n=13)
Greece (6)	2,3	(n=76)
<i>Asia</i>		
Laos (2)	0	(n=8)
Thailand		
<i>Apis florea</i> (5)	0	(n=60)
<i>Apis dorsata</i> (3)	2	(n=50)
<i>Apis cerana</i> (9)	2,4	(n=83)

Table S2. Markers and primers used in the study. Two markers per amplification were considered due to unpaired sequence reads.

Marker	Type ¹	Genomic context of locus Contig ²	Remarks ³	Primer 5'→3' (without tag)	Amplicon size (bp) ⁴
001AF	CR	P 001	in ORF AAJ76_1000110873 (translation elongation factor EF-2)	GGTGTCTATGTAGTCTTCAGATC	409
001AR	CR	C 0003		CATGACAGGTGCACCTCTCTG	
001BF	CR	P 001	in ORF AAJ76_1000109660 (polar tube protein PTP3)	CATAGTCCAATACCGAAATCAGC	395
001BR	CR	C 0003		GCTACGTGTGCTGCAATTTCG	
001CF	CR	P 001	in ORF AAJ76_100013594 (translation initiation factor EIF2a)	GGAATCATAGCCTTCATATGTTGC	431
001CR	CR	C 0040		GGAACATAAGCTTCTTCGATTGTC	
001DF	MS	P 001	F: 86 first nt at the end of ORF AAJ76_100020621 then non coding. R : in ORF AAJ76_100020621	CATTCTACACTTCTATTATCCAC	356
001DR	CR	C 0040		GAATCTAGGACTCCTGTTATGG	
001EF	MS	P 001	between the divergent ORFs AAJ76_1000166313 and 1000166727 (ribonucleoprotein)	CAATCTTATGGTTCATTACAAAGGG	440
001ER	NC	C 0128		GAAATGCGCATAAAGGGCTATG	
002AF	CR	P 002	in ORF AAJ76_2000141845 (spore wall protein SWP30)	TGCGGGAATATGAACATCCTAG	453
002AR	CR	C 0032		TGCATCGGTAAAGATGGCTAGA	
003AF	CR	P 003	F: in ORF AAJ76_3000124483. R: 27 last nt of AAJ76_3000121139 (kinase) then non coding	GATATTAACAACGGATGGACTAGT	420
003AR	MS	C 0263		CAAAAAGTAAGTGAAGCACTAGTG	
003BF	NC	P 003	between the ORFs AAJ76_300029679 (aminopeptidase) and AAJ76_300030593 (origin recognition)	GTTTACTTGTCTACAACATTGGTTG	505
003BR	NC	C 0289		TGGAAATGTGCGGCAGGACA	
004AF	NC	P 004	in intergenic region, far between the ORFs AAJ76_400047493 (MutS) and AAJ76_400056398	CTGTGTATAGTTTTGCTCTGCC	383
004AR	NC	C 0231		CATTGGAACCAATTAGTTATGTACTC	
004BF	MS	P 004	in long intergenic region, far between the ORFs AAJ76_400062887 and AAJ76_400068918	CAGTTAAGGCATGAATACATAAC	327
004BR	NC	C 1027		GTCGCTTTGCTTAAATACAGATTG	
005AF	CR	P 005	in ORF AAJ76_500027606 (phosphoacetyl-glucosamine mutase)	TGACACAGTGCAGTTTACCAGT	429
005AR	CR	C 0012		CTCCTGTCTGCACCAATTCAG	
005BF	CR	P 005	in ORF AAJ76_500092411 (hypothetical actin)	GACTCTGGTGATGGTGTCTC	415
005BR	CR	C 0222		CTTTTCTAATATCCACATCACAGG	
006AF	NC	P 006	between the ORFs AAJ76_6000109428 (histone h2b) and AAJ76_6000110666 (protein S-S isomerase)	TGCTGATCGTTTATATCAATAC	341
006AR	NC	C 0054		GATGATCGTTTATCAAAATGTGATC	
009AF	CR	P 009	in ORF AAJ76_900012560	CAGTAGGAAGATTCATCAACAGC	412
009AR	CR	C 0221		GTAAGTTGCCCTTGCCACCAAG	
011AF	NC	P 011	in long intergenic region, far between the ORFs AAJ76_1100028057 and AAJ76_1100021216	GTACACGACATTCACACTGAG	490
011AR	NC	C 0624		GTCGAGCACATTTGCTGATG	
011BF	NC	P 011	in intergenic region, far from ORFs AAJ76_1100074951 and upstream of AAJ76_1100079808	GATGAAAAGTAGATTAGGTAGTTAG	413
011BR	NC	C 0923		CCTAACATAAGAGTAAAGCGCATC	
013AF	CR	P 013	in ORF AAJ76_1300036493	GTGTGATGCCCTTACGCTTGTCTC	373
013AR	CR	C 0011		CATTCTTTGAGTGTCTCGCAGA	
013BF	NC	P 013	in long intergenic region, far between the ORFs AAJ76_130004424 and AAJ76_130006800	GCTGCTTAGAATGATTAAACAGTTC	464
013BR	NC	C 0143		CACAGCCTTCAATTCATCAG	
014AF	CR	P 014	F: in ORF AAJ76_140009109 (zinc finger protein). R: between the ORFs AAJ76_140009109 and AAJ76_140009564 (transcription factor)	CGGCATTATAGCAGCCAAACC	417
014AR	NC	C 0001		GAGGGGAGGTTGATATTCATC	
016AF	CR	P 016	F: in ORF AAJ76_1600025098, except the last 8 nt. R: between the following ORFs AAJ76_1600025098 and AAJ76_1600025958	TGAAGCAGGGGTTCAGTTTAC	327
016AR	NC	C 0002		TGTTGAACCTTAATTTAGCCACAG	
016BF	CR	P 016	in ORF AAJ76_1600034241 (AAA ATPase)	TGAATATGAAGACGGCACAGGA	487
016BR	CR	C 0002		AACCTGCTTCTCGCATGTCTGA	
017AF	NC	P 017	between the following ORFs AAJ76_1700032044 (histone-binding protein) and AAJ76_1700031022	GGTGCATAGCAGATTGTACATG	335
017AR	NC	C 0035		GTAGTAGATGTTGTTGGTTATAAGG	
019AF	CR	P 019	in ORF AAJ76_1900011547 (transcription initiation factor subunit)	AGATCCCTACGAACTGCGTGT	411
019AR	CR	C 0057		GGAACATTAGTAGGGACGAAAG	
019BF	CR	P 019	in ORF AAJ76_1900028347 (polar tube protein PTP1)	GATTGTATTGATAGCGGAGGAC	332
019BR	CR	C 0197		GCAGGAACCGCTGATTGTAC	
019CF	CR	P 019	in ORF AAJ76_1900025375 (polar tube protein PTP2)	TGGTAGCCAAGTTGCCACCT	361
019CR	CR	C 0197		GTTGGCTGACTAATAGCATCGTT	
020AF	CR	P 020	F: in the highly putative ORF AAJ76_2000058386. R: between ORFs AAJ76_2000058386 and AAJ76_4310001130	CCCACGCGGTGAAAGCAC	462
020AR	NC	C 0566		CATCCACCCCTTATTGTAACCTC	
021AF	CR	P 021	in ORF AAJ76_210003439 (Mn/Fe-superoxide dismutase)	CTCTAGAGCCTTATAATGAAG	351
021AR	CR	C 0038		ACCACACCCATCTGATCCA	
021BF	CR	P 021	in ORF AAJ76_2100035271 (RNA polymerase II largest subunit RPB1)	GGTAAAGAAGGTCTGTTAGAG	389
021BR	CR	C 0247		ACTCGAACGAAATGTCCCATCA	
025AF	CR	P 025	in ORF AAJ76_2500021695 (Asn synthetase)	TCTTAAGTCAGGGCCATCATGT	407
025AR	CR	C 0004		CCGCTTTGTATTCTTCCACACA	
034AF	NC	P 034	F: upstream of ORF AAJ76_3400023038, including ribosome binding site. R : in ORF AAJ76_3400023038, with 5nt upstream	GTATATGTTTACTGGTGTGTTCTCC	365
034AR	CR	C 0020		CGACCAGGTACCTAAAAGGC	
036AF	CR	P 036	in ORF AAJ76_3600037707 (alpha-tubulin)	GCAAGGGGTCAATTACACTGTG	397
036AR	CR	C 0262		AAGATACTACTGTGCCACCAC	
041AF	CR	P 041	in ORF AAJ76_410006816 (hexokinase HK)	TGGCTTTAGCAAAACATTGCTGC	414
041AR	CR	C 0094		GGCCACATTATAGCCATTTCCT	
043AF	MS	P 043	between the divergent ORFs AAJ76_430009908 and AAJ76_4300012768 (ribonuclease HII)	CGAAAAGCGAGAAGGGGATG	344
043AR	NC	C 0543		ATTGTTACATCTTGGACACAATGT	
049AF	CR	P 049	in AAJ76_4900027520 (heat shock protein 70)	AGCTGTTTATGATCTGGGAGG	380
049AR	CR	C 0228		GACAGGGGTTTATGTTTGTCT	
052AF ⁵	MS	P 052	haplotypes 052AF02-09,11 and 052AR02-11,13,14: with microsatellite, far downstream of ORF AAJ76_520005612 on contig JPQZ01000052	TGCTTATCCTTCATTATCTATACCA	316
052AR ⁵	NC	C 3017		CTAGATGCAAGAATATTCATTGATG	
052AF ⁵	NC	P 088	haplotypes 052AF01,10 and 052AR01,12: between the ORFs AAJ76_880001082 and AAJ76_880009907 on contig JPQZ01000088	TGCTTATCCTTCATTATCTATACCA	292
052AR ⁵	NC	C 1509		CTAGATGCAAGAATATTCATTGATG	
105AF	MS	P 105	between the convergent ORFs AAJ76_1050007721 (pol protein) and AAJ76_10500010291	ACGGACGRGTGTACGAATGG	292
105AR	NC	C 0489		CCCTCCGCTTTCAAACCTG	
143AF	MS	P 143	in non coding contig, upstream of region homologous to ORF AAJ76_2460001635	GACTGTGTCATGAGCCCTGCG	449
143AR	NC	C 0313		CCTGCCTACTACCCACCAC	
149AF	NC	P 149	in non coding short contig	TATGGATTACATTTATGCCCCA	353
149AR	MS	C 0460		GTCCTTGAAGTATACGGTTTTCAC	
174AF	MS	P 174	far downstream of ORF AAJ76_1740004145	TGTTTATGCTTTGCAAGTCCCTC	395
174AR	NC	C 0328		CCCTCGCAACTTCAACGAT	
185AF	MS	P 185	in non coding short contig	GAGTTAACTTGAGCCTCCAGC	419
185AR	NC	C 0292		GTTTCGGCTCCGATTACGAC	
386AF	CR	P 386	in ORF NCER_100768 (endospore protein EnPB1, Roudel <i>et al.</i> , 2013), data not exploitable for R	AGTATGTCTAGTAAACCGAGAT	328
386AR ⁶	CR	C 0049		CTGACATCTTTAATTGGACCACA	

¹ CR: coding region, NC: non coding region, MS: microsatellite. ² P: JPQZ01000xxx according to Pelin *et al.* (2015), C: ACOL01000xxx according to Comman *et al.* (2009). ³ All ORFs but the last one were name according to the new annotation in NCBI gene bank (Pelin *et al.* 2015). Missing annotated functions indicate hypothetical proteins. ⁴ According to Pelin *et al.* (2015) genome. ⁵ Primers eventually amplified two regions but data were still considered as a whole. ⁶ The reverse sequencing data could not be analyzed due to large indels

Table S3. Frequency of 636 haplotypes of 83 *V. ceranae* markers in honeybees from various archipelagoes of the SWIO and in European and Asian outgroups. For each marker (left column), the haplotypes are listed (2nd left column) and their frequency in every isolate (following columns). See Table 1 for isolate identity. The cumulative haplotypes frequency equals 1 for each marker and each isolate.

		Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	⑩	⑪	⑫	⑬	⑭	⑮	⑯	⑰	⑱	⑲	⑳	㉑	㉒	㉓	㉔	㉕	㉖	㉗	㉘	㉙	㉚	㉛	㉜	㉝	㉞	㉟	㊱	㊲	㊳	㊴	㊵	㊶	㊷	㊸	㊹	㊺	㊻	㊼	㊽	㊾	㊿
Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRES.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2																				
001AF	001AF01	0.547	0.3675	0.5507	0.5145	0.4216	0.5028	0.5201	0.4964	0.4992	0.494	0.4986	0.4959	0.5251	0.5059	0.5039	0.5005	0.5146	0.4989	0.4736	0.4989	0.5014	0.4939	0.5079	0.4982	0.4711	0.4933	0.4981	0.4882	0.5048	0.5076	0.5047	0.5843	0.5755																			
	001AF02	0.4479	0.6269	0.4437	0.4794	0.5717	0.4866	0.4737	0.4993	0.4958	0.5006	0.4962	0.4991	0.4449	0.4821	0.4912	0.4934	0.4794	0.4947	0.5177	0.4962	0.4936	0.5001	0.4878	0.4962	0.5223	0.5008	0.496	0.507	0.4899	0.478	0.49	0.3496	0.4092																			
	001AF03	0.0009	0.0022	0.0014	0.002	0.0022	0.0074	0.0017	0.0014	0.0016	0.0021	0.0014	0.0011	0.0253	0.0081	0.0015	0.0019	0.0022	0.0016	0.0046	0.0016	0.0016	0.0016	0.0013	0.002	0.002	0.0019	0.0016	0.0016	0.0015	0.0014	0.0017	0.0008	0.0011																			
	001AF04	0.0016	0.0011	0.0021	0.0016	0.002	0.0014	0.002	0.0012	0.0016	0.0014	0.0019	0.0014	0.0018	0.0016	0.0012	0.0017	0.0014	0.002	0.0011	0.0013	0.0014	0.0013	0.0012	0.0015	0.002	0.0017	0.0017	0.001	0.0015	0.0042	0.0015	0.0218	0.0046																			
	001AF05	0.0012	0.0007	0.0013	0.0015	0.0011	0.0008	0.0013	0.0007	0.0008	0.001	0.0011	0.0013	0.0017	0.0013	0.0012	0.0015	0.0014	0.0014	0.0017	0.0009	0.0012	0.0016	0.0009	0.0011	0.0013	0.0011	0.0013	0.001	0.0012	0.0044	0.001	0.0236	0.0064																			
	001AF06	0.0014	0.0015	0.0008	0.0011	0.0016	0.0009	0.0012	0.001	0.001	0.001	0.0009	0.0012	0.0011	0.0011	0.001	0.001	0.001	0.0014	0.0014	0.0011	0.0009	0.0016	0.0009	0.0009	0.0014	0.0011	0.0012	0.0011	0.001	0.0043	0.0011	0.0199	0.0032																			
001AR	001AR01	0.939	0.939	0.9428	0.9429	0.944	0.9372	0.9383	0.937	0.9369	0.9412	0.9392	0.9413	0.9027	0.9347	0.947	0.9383	0.9385	0.9319	0.9059	0.9423	0.941	0.9435	0.9413	0.9451	0.9429	0.9427	0.9428	0.9374	0.9451	0.9409	0.9382	0.9316	0.9435																			
	001AR02	0.0274	0.0274	0.0274	0.0276	0.025	0.0238	0.0318	0.0301	0.0257	0.0267	0.0312	0.0262	0.0277	0.0287	0.0238	0.0296	0.0268	0.0302	0.0313	0.0241	0.028	0.0229	0.0284	0.0258	0.0262	0.03	0.0238	0.0282	0.0254	0.0272	0.028	0.028	0.0232																			
	001AR03	0.0259	0.0279	0.0236	0.0233	0.0245	0.0291	0.0242	0.0291	0.0306	0.0264	0.0246	0.0279	0.0259	0.0246	0.0244	0.0259	0.0273	0.0299	0.024	0.0269	0.0256	0.0259	0.0242	0.0225	0.0229	0.0227	0.027	0.0282	0.0243	0.026	0.0259	0.0268	0.0262																			
	001AR04	0.0065	0.005	0.0056	0.0056	0.006	0.0092	0.0053	0.0031	0.0063	0.0055	0.0046	0.0041	0.0434	0.0112	0.0043	0.0056	0.0068	0.0065	0.0061	0.0061	0.0048	0.0073	0.0054	0.006	0.0076	0.0043	0.0058	0.0056	0.0045	0.0055	0.006	0.0134	0.0065																			
	001AR05	0.0013	0.0007	0.0006	0.0006	0.0005	0.0006	0.0005	0.0007	0.0004	0.0002	0.0004	0.0005	0.0004	0.0009	0.0006	0.0007	0.0006	0.0016	0.0036	0.0006	0.0007	0.0003	0.0006	0.0006	0.0004	0.0003	0.0006	0.0007	0.0004	0.0002	0.0002	0.0006	0.0006																			
	001BF01	0.9143	0.7892	0.9584	0.9115	0.9154	0.9878	0.84	0.9937	0.9934	0.995	0.994	0.9938	0.9401	0.9867	0.9929	0.9942	0.9935	0.9916	0.9932	0.9938	0.9941	0.9928	0.9935	0.9921	0.9934	0.993	0.9945	0.9931	0.9947	0.9862	0.9935	0.9854	0.9652																			
001BF	001BF02	0.0239	0.1692	0.0148	0.0152	0.0586	0.0014	0.0213	0.0011	0.0014	0.001	0.0012	0.0016	0.0013	0.0014	0.0018	0.0017	0.0016	0.0018	0.0017	0.0013	0.0011	0.0015	0.0012	0.0013	0.0013	0.0015	0.0009	0.0018	0.0014	0.0019	0.0013	0.0007	0.0023																			
	001BF03	0.0245	0.0158	0.0094	0.0312	0.0075	0.0005	0.0606	0.0006	0.001	0.0003	0.0008	0.0007	0.0019	0.0008	0.0011	0.0003	0.0007	0.0005	0.0006	0.0005	0.0006	0.0007	0.0008	0.0014	0.0008	0.0007	0.0009	0.0006	0.0005	0.0006	0.0006	0.0009	0.0007																			
	001BF04	0.0211	0.0126	0.0071	0.0205	0.0067	0.0018	0.0392	0.0021	0.0019	0.0015	0.0019	0.0018	0.0024	0.0026	0.0021	0.0021	0.0022	0.0022	0.0023	0.0023	0.002	0.0025	0.0019	0.002	0.0023	0.0024	0.0016	0.0022	0.0019	0.002	0.0021	0.0021	0.002																			
	001BF05	0.0148	0.0117	0.0064	0.0185	0.0049	0.0006	0.0371	0.0007	0.0006	0.0006	0.0006	0.0007	0.0004	0.0007	0.0005	0.0003	0.0005	0.0021	0.0007	0.0005	0.0006	0.0007	0.0006	0.001	0.0009	0.0006	0.0007	0.0004	0.0004	0.0006	0.0009	0.0007	0.0005																			
	001BF06	0.0005	0.0008	0.0007	0.0008	0.0008	0.001	0.0006	0.0009	0.0008	0.0009	0.0008	0.0007	0.0006	0.0006	0.0007	0.0007	0.0008	0.001	0.0007	0.0008	0.0007	0.0012	0.0006	0.0011	0.0007	0.0012	0.0009	0.001	0.0005	0.0079	0.0008	0.0093	0.0286																			
	001BF07	0.0009	0.0008	0.0032	0.0023	0.006	0.0069	0.0012	0.0008	0.0008	0.0006	0.0006	0.0007	0.0533	0.0072	0.001	0.0006	0.0007	0.0008	0.0007	0.0009	0.0009	0.0007	0.0014	0.0011	0.0006	0.0005	0.0005	0.0008	0.0006	0.0008	0.0008	0.001	0.0007																			
001BR	001BR01	0.5581	0.821	0.5792	0.5098	0.6487	0.4896	0.4884	0.4993	0.5047	0.5019	0.5055	0.5095	0.387	0.4825	0.4981	0.5023	0.488	0.5386	0.6559	0.5162	0.5072	0.5001	0.5158	0.5115	0.5221	0.5055	0.5075	0.4768	0.5092	0.5081	0.5634	0.5236	0.5059																			
	001BR02	0.3828	0.1697	0.3579	0.4811	0.3426	0.5088	0.503	0.4987	0.4935	0.4966	0.4929	0.4886	0.6104	0.5158	0.5003	0.4957	0.5101	0.4574	0.3416	0.4822	0.491	0.4976	0.4825	0.4852	0.4706	0.4928	0.4911	0.5217	0.4894	0.4655	0.434	0.3488	0.415																			
	001BR03	0.0052	0.0036	0.0054	0.0013	0.0024	0.0005	0.0014	0.0006	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0002	0.0005	0.0005	0.0009	0.0005	0.0005	0.0008	0.0006	0.0005	0.0006	0.0007	0.0006	0.0004	0.0004	0.0003	0.0005	0.0075	0.0007	0.0006	0.0274																				
	001BR04	0.0525	0.0048	0.0567	0.0064	0.005	0.0003	0.0058	0.0005	0.0005	0.0006	0.0004	0.0003	0.0008	0.0018	0.0005	0.0003	0.0003	0.0005	0.0006	0.0005	0.0004	0.0004	0.0004	0.0006	0.0008	0.0006	0.0004	0.0005	0.0003	0.0005	0.001	0.0002	0.0007																			
	001BR05	0.0002	0	0.0002	0.0002	0.0003	0.0003	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0003	0.0001	0.0002	0.0002	0	0.0003	0.0002	0.002	0.0004	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0011	0.0053	0.0004	0.0002	0.0002	0.0002	0.0062	0.0003	0.0059	0.0235																			
	001BR06	0.0003	0.0005	0.0004	0.0007	0.0005	0.0002	0.0007	0.0003	0.0003	0	0.0001	0.0002	0.0002	0.0002	0.0004	0.0002	0.0003	0.0004	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0064	0.0003	0.1067	0.0066																			
001CF	001BR07	0.0008	0.0004	0.0002	0.0005	0.0005	0.0003	0.0004	0.0003	0.0003	0.0003	0.0004	0.0004	0.0004	0.0002	0.0003	0.0003	0.																																			

		Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④		
Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2	
002AR	002AF08	0,1548	0,002	0	0	0	0	0,0023	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
	002AR01	0,856	0,9927	0,9955	0,9967	0,9968	0,9973	0,9931	0,9977	0,9971	0,9971	0,9972	0,9971	0,9968	0,9966	0,9972	0,997	0,9968	0,9968	0,9971	0,997	0,9971	0,9971	0,9972	0,9968	0,9962	0,9971	0,9907	0,9721	0,9928	0,9971	0,9974	0,9899	0,9973	
	002AR02	0,1439	0,0071	0,0041	0,0031	0,0029	0,0024	0,0065	0,0021	0,0027	0,0026	0,0026	0,0026	0,003	0,0032	0,0026	0,0027	0,003	0,0029	0,0026	0,0029	0,0027	0,0027	0,0026	0,003	0,0036	0,0027	0,0034	0,0043	0,0027	0,0027	0,0024	0,0076	0,0024	
	002AR03	0,0001	0,0002	0,0003	0,0002	0,0003	0,0003	0,0004	0,0002	0,0002	0,0003	0,0002	0,0003	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0005	0,0236	0,0044	0,0002	0,0002	0,0025	0,0003		
	003AF01	0,6496	0,7043	0,6393	0,8876	0,8083	0,9221	0,8882	0,9341	0,9321	0,926	0,9257	0,9309	0,9051	0,9132	0,9211	0,9198	0,9172	0,9083	0,9086	0,9152	0,922	0,9186	0,9252	0,9225	0,9144	0,9231	0,9217	0,9126	0,9265	0,9097	0,9237	0,8837	0,823	
	003AF02	0,0505	0,0472	0,046	0,0607	0,0564	0,0589	0,063	0,0496	0,0521	0,0562	0,0564	0,0515	0,0694	0,0646	0,058	0,06	0,0641	0,0675	0,067	0,064	0,0592	0,0613	0,056	0,0574	0,0629	0,0588	0,0579	0,0622	0,0545	0,058	0,0575	0,0668	0,0622	
	003AF03	0,0114	0,0136	0,009	0,0167	0,0145	0,0155	0,0162	0,0131	0,0127	0,0152	0,0146	0,0142	0,0212	0,0181	0,017	0,0164	0,0154	0,0181	0,0187	0,0175	0,0155	0,0162	0,0143	0,0154	0,0185	0,0144	0,0165	0,0211	0,0155	0,0154	0,0151	0,0201	0,0166	
003AR	003AF04	0,0319	0,2265	0,0448	0,0268	0,1126	0,0007	0,026	0,0004	0,0004	0,0003	0,0005	0,0005	0,0008	0,0006	0,0005	0,0005	0,0029	0,0006	0,0006	0,0005	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	
	003AF05	0,0012	0,0006	0,0008	0,0008	0,0005	0,0005	0,0006	0,0008	0,0008	0,0005	0,0007	0,0009	0,0008	0,0006	0,0007	0,0005	0,0006	0,0012	0,0027	0,0007	0,0007	0,0009	0,0008	0,0008	0,0009	0,0006	0,0009	0,0009	0,0007	0,0092	0,0008	0,0185	0,062	
	003AF06	0,0012	0,0012	0,002	0,0015	0,0022	0,0015	0,0015	0,0013	0,0012	0,0011	0,0013	0,0013	0,0023	0,0013	0,0018	0,0016	0,0016	0,0015	0,0017	0,0012	0,0012	0,0015	0,0012	0,0017	0,0015	0,0014	0,0015	0,0018	0,0015	0,0062	0,0014	0,0072	0,0349	
	003AF07	0,2416	0,0059	0,2369	0,0055	0,0052	0,0006	0,0041	0,0007	0,0006	0,0006	0,0009	0,0006	0,0007	0,0011	0,0008	0,0011	0,0007	0,0005	0,0006	0,0008	0,0008	0,0008	0,0016	0,0012	0,0005	0,0012	0,0009	0,0007	0,0007	0,001	0,0006	0,0005	0,0008	
	003AF08	0,0126	0,0006	0,0212	0,0004	0,0004	0	0,0004	0	0	0,0002	0	0	0	0,0001	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	003AR01	0,1914	0,1993	0,1608	0,333	0,247	0,2901	0,378	0,3334	0,2788	0,2782	0,2759	0,2875	0,4531	0,3329	0,4148	0,3134	0,3432	0,3731	0,3627	0,3618	0,2973	0,28	0,2743	0,2974	0,3162	0,2956	0,3105	0,5267	0,2934	0,3922	0,2868	0,1768	0,4475	
	003AR02	0,2329	0,1054	0,2617	0,2618	0,2252	0,2459	0,2399	0,1973	0,2381	0,2553	0,2358	0,2436	0,2881	0,2632	0,2844	0,2547	0,2661	0,2615	0,331	0,2236	0,2338	0,2775	0,2532	0,2504	0,3222	0,2589	0,2539	0,1512	0,2552	0,2031	0,2825	0,2139	0,2471	
	003AR03	0,0795	0,1692	0,1042	0,1565	0,1844	0,1623	0,1449	0,1733	0,1559	0,1589	0,1565	0,1598	0,1471	0,1728	0,2092	0,1573	0,1645	0,1496	0,1574	0,1984	0,1635	0,1665	0,1607	0,1626	0,1802	0,1616	0,1599	0,174	0,1602	0,1362	0,1616	0,1466	0,1917	
	003AR04	0,0435	0,0442	0,0397	0,0599	0,0586	0,1522	0,0895	0,1515	0,1619	0,1489	0,1629	0,154	0,0543	0,1115	0,0435	0,1355	0,1118	0,1049	0,0679	0,1059	0,1497	0,135	0,1548	0,1461	0,0867	0,1397	0,132	0,0798	0,1448	0,1308	0,1304	0,0939	0,0488	
	003AR05	0,0451	0,0549	0,039	0,0586	0,0473	0,0851	0,0504	0,0732	0,0945	0,0904	0,0931	0,0865	0,0298	0,0641	0,023	0,0777	0,0643	0,0616	0,0413	0,0551	0,0846	0,0792	0,0893	0,0789	0,0521	0,0821	0,0832	0,0376	0,0864	0,0769	0,0804	0,143	0,0308	
	003AR06	0,0218	0,0327	0,0242	0,0431	0,0349	0,0619	0,0369	0,0692	0,0685	0,0658	0,0732	0,0662	0,0228	0,0518	0,0209	0,0581	0,0464	0,0451	0,0291	0,0515	0,068	0,0588	0,0646	0,0618	0,0393	0,0595	0,0567	0,0277	0,0576	0,0548	0,0546	0,0745	0,0255	
	003AR07	0,0466	0,2538	0,0351	0,0219	0,1287	0	0,0298	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0002	0	
	003AR08	0,0101	0,0848	0,0093	0,0086	0,0428	0	0,0101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	003AR09	0,3165	0,0045	0,3154	0,005	0,0047	0,0006	0,0041	0,0004	0,0004	0,0006	0,0005	0,0006	0,0011	0,0008	0,0007	0,0006	0,0006	0,0008	0,0007	0,0005	0,0006	0,0007	0,0007	0,0006	0,0008	0,0006	0,0006	0,0004	0,0006	0,0005	0,0008	0,0005	0,0006	
	003AR10	0,001	0,0243	0,0026	0,0052	0,0117	0	0,0078	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	003AR11	0,0091	0,0252	0,006	0,0049	0,0123	0	0,0062	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	003AR12	0	0,0002	0	0,0003	0,0002	0,0003	0,0005	0,0002	0,0003	0,0002	0,0002	0,0002	0,0008	0,0004	0,0003	0,0004	0,0004	0,0011	0,0056	0,0005	0,0003	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0003	0,0007	0,0009	0,0004	0,0009	0,0008	0,0252	0,0014	
003BF	003AR13	0	0,0002	0,0007	0,0005	0,0005	0,0002	0,0006	0,0004	0,0003	0,0003	0,0005	0,0003	0,0007	0,0006	0,0006	0,0006	0,0009	0,0008	0,0017	0,0015	0,0005	0,0007	0,0006	0,0005	0,0006	0,0005	0,0006	0,0003	0,0003	0,0007	0,0008	0,0218	0,0014	
	003AR14	0,001	0,0003	0,0003	0,0006	0,0006	0,0006	0,0005	0,0003	0,0004	0,0006	0,0003	0,0005	0,0003	0,0007	0,0006	0,0009	0,0006	0,0006	0,0004	0,0013	0,0004	0,0006	0,0005	0,0005	0,0007	0,0004	0,0006	0,0003	0,0004	0,0007	0,0004	0,018	0,0013	
	003AR15	0	0,0005	0	0,0005	0,0007	0,0004	0,0005	0,0005	0,0003	0,0003	0,0004	0,0004	0,0009	0,0005	0,0007	0,0004	0,0005	0,0003	0,0006	0,0002	0,0004	0,0003	0,0005	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,001	0,0003	0,001	0,0004	0,0218	0,0011	
	003AR16	0,0015	0,0004	0,001	0,0004	0,0003	0,0004	0,0003	0,0002	0,0004	0,0003	0,0002	0,0003	0,0002	0,0005	0,0005	0,0008	0,0004	0,0005	0,0007	0,0006	0,0005	0,0003	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0003	0,0004	0,0001	0,0004	0,0004	0,0334	0,0019	
	003AR17	0	0	0	0,0002	0,0002	0,0002	0,0003	0,0001	0,0002	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0002	0,0002	0,0002	0,0003	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0001	0,0002	0,0003	0	0,0002	0,001	0,0002	0,0304	0,001
	003BF01	0,514	0,0277	0,508	0,5718	0,2622	0,6185	0,5721	0,6097	0,609	0,6297	0,6487	0,6878	0,4418	0,5465	0,5499	0,6133	0,6036	0,5163	0,5073	0,5497	0,6021	0,5939	0,704	0,6282	0,6411	0,6946	0,7074	0,5699	0,6896	0,6599	0,6889	0,3008	0,5934	
	003BF02	0,3367	0,0137	0,3077	0,2425	0,1043	0,1182	0,2612	0,0906	0,1063	0,1266	0,0963	0,0797	0,1889	0,1671	0,1293	0,1389	0,1274	0,1854	0,2224	0,1456	0,1098	0,1495	0,0873	0,13	0,21	0,1228	0,0849	0,2432	0,0971	0,1062	0,1277	0,0639	0,2043	
	003BF03	0,0547	0,0268	0,0594	0,0722	0,0811	0,0404	0,0635	0,118	0,0429	0,0502	0,1296	0,0449	0,0982	0,1384	0,2414	0,1259	0,1284	0,1274	0,1017	0,1671	0,2226	0,1284	0,1332	0,1214	0,0583	0,0916	0,0978	0,0364	0,1142	0,1276	0,0963	0,3985	0,0867	
	003BF04	0,0267	0,2532	0,037	0,0362	0,1589	0,1256	0,03	0,1115	0,1375	0,1042	0,0566	0,1103	0,1466	0,0611	0,0111	0,0514	0,0828	0,081	0,0797	0,0608	0,0108	0,0573												

		Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	①	②	③	④	⑤	①	②	③	④	⑤	①	②	③	④	⑤	①	②	③	④
Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2					
004BR	004BR01	0,8544	0,7015	0,8575	0,8559	0,7984	0,9059	0,8426	0,802	0,8851	0,8841	0,8811	0,9013	0,9637	0,8875	0,7917	0,8762	0,7667	0,826	0,7732	0,7017	0,8026	0,7439	0,8487	0,7846	0,6012	0,83	0,8015	0,7261	0,8414	0,8122	0,8327	0,8926	0,7422					
	004BR02	0,031	0,0197	0,0259	0,0466	0,055	0,0367	0,0543	0,0682	0,0486	0,0474	0,0421	0,0315	0,0048	0,0516	0,1561	0,0542	0,1696	0,0813	0,1451	0,1785	0,0915	0,1271	0,0684	0,0924	0,1628	0,0781	0,1064	0,1418	0,0778	0,0841	0,0907	0,026	0,0924					
	004BR03	0,0113	0,0808	0,0105	0,0244	0,0493	0,0166	0,0289	0,0376	0,022	0,0211	0,0209	0,0189	0,0042	0,02	0,0341	0,027	0,0303	0,0426	0,05	0,063	0,037	0,056	0,0299	0,0482	0,1451	0,0389	0,0443	0,0569	0,031	0,0403	0,031	0,0238	0,0995					
	004BR04	0,0059	0,0473	0,0068	0,0136	0,0287	0,0124	0,0131	0,0437	0,0118	0,0098	0,0113	0,0014	0,0114	0,0155	0,0051	0,0101	0,016	0,0194	0,0092	0,0351	0,0239	0,0285	0,0167	0,0298	0,0749	0,0208	0,0239	0,0559	0,0211	0,0418	0,017	0,0109	0,0534					
	004BR05	0,0309	0,0197	0,026	0,0284	0,0148	0,013	0,0313	0,0252	0,0152	0,0183	0,0263	0,0122	0,0094	0,013	0,0084	0,02	0,0124	0,022	0,0142	0,013	0,0259	0,0265	0,0197	0,0252	0,0097	0,0195	0,0202	0,0117	0,0141	0,011	0,0153	0,02	0,0063					
	004BR06	0,0253	0,0089	0,0302	0,0189	0,0101	0,0142	0,0213	0,0225	0,0165	0,0188	0,0177	0,0142	0,0161	0,0114	0,0041	0,0117	0,0046	0,0065	0,0077	0,0087	0,0185	0,0175	0,016	0,0192	0,006	0,012	0,0136	0,0074	0,0141	0,0104	0,0124	0,026	0,0055					
005AF	004BR07	0,0381	0,0049	0,0381	0,0066	0,0041	0,0012	0,0044	0,0007	0,0008	0,0005	0,0006	0,0003	0,0003	0,001	0,0005	0,0007	0,0004	0,0023	0,0006	0	0,0005	0,0005	0,0006	0,0005	0	0,0005	0	0,0002	0,0006	0,0002	0,0008	0,0008	0,0005					
	004BR08	0,0031	0,1172	0,0085	0,0056	0,0396	0	0,004	0	0	0	0	0,0001	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0001	0,0003	0,0001	0	0	0	0	0	0	0,0001					
	005AF01	0,9724	0,9839	0,9843	0,9784	0,9892	0,9964	0,9663	0,9961	0,9959	0,9966	0,996	0,9962	0,9969	0,9968	0,9978	0,9964	0,9961	0,9826	0,9456	0,9957	0,9957	0,9959	0,9954	0,9951	0,9969	0,9956	0,9968	0,9964	0,9968	0,9944	0,9858	0,9962	0,995					
	005AF02	0,0239	0,0118	0,0112	0,0173	0,0072	0,0013	0,0296	0,001	0,0013	0,0013	0,0014	0,0013	0,001	0,001	0,0006	0,0011	0,0011	0,0012	0,0011	0,0014	0,0014	0,001	0,0013	0,0003	0,0009	0,0014	0,0009	0,0011	0,0009	0,0013	0,0012	0,0013	0,0014					
	005AF03	0,0016	0,0024	0,0009	0,0016	0,0019	0,0012	0,0014	0,0014	0,0013	0,0011	0,0013	0,0012	0,0011	0,0011	0,0009	0,0012	0,0012	0,0065	0,0176	0,0014	0,0014	0,0016	0,0014	0,0016	0,001	0,0015	0,0012	0,0013	0,0012	0,0024	0,0046	0,0018	0,0019					
	005AF04	0,0016	0,0013	0,0013	0,0016	0,0009	0,0006	0,0016	0,0008	0,0006	0,0005	0,0007	0,0006	0,0005	0,0007	0,0006	0,0005	0,0007	0,0004	0,0008	0,0009	0,0047	0,0178	0,0009	0,0007	0,0007	0,0011	0,001	0,0006	0,0005	0,0006	0,0011	0,0045	0,0002	0,0009				
005AR	005AF05	0,0003	0,0006	0,0022	0,0012	0,0009	0,0005	0,001	0,0006	0,0008	0,0005	0,0007	0,0007	0,0006	0,0005	0,0002	0,0006	0,0007	0,0005	0,0002	0,0006	0,0007	0,0005	0,0008	0,0007	0,0009	0,0006	0,0009	0,0004	0,0006	0,0008	0,0039	0,0005	0,0007					
	005AR01	0,9898	0,9936	0,992	0,9898	0,9793	0,9899	0,9929	0,9948	0,9951	0,9934	0,9942	0,9943	0,9519	0,9896	0,9957	0,994	0,9937	0,9906	0,9732	0,9916	0,9939	0,9936	0,9939	0,9932	0,9946	0,9928	0,9952	0,9945	0,9947	0,9715	0,99	0,6917	0,9099					
	005AR02	0,0034	0,0012	0,002	0,0019	0,0019	0,0033	0,0021	0,0015	0,0012	0,0019	0,0018	0,0019	0,0445	0,0067	0,0014	0,0017	0,0019	0,0025	0,0024	0,0022	0,0018	0,0024	0,0016	0,0019	0,0016	0,0022	0,0014	0,0018	0,0017	0,0016	0,0017	0,0018	0,0017					
	005AR03	0,0018	0,0009	0,0029	0,004	0,0159	0,0012	0,0012	0,0007	0,0003	0,0012	0,0008	0,0007	0,0005	0,0006	0,0006	0,0007	0,0006	0,0007	0,001	0,0009	0,0007	0,0006	0,0009	0,0012	0,0008	0,0011	0,0006	0,0005	0,0008	0,0121	0,0008	0,2347	0,0148					
	005AR04	0,0015	0,0015	0,0014	0,0017	0,0007	0,0014	0,0015	0,0006	0,0012	0,0012	0,0009	0,0008	0,0005	0,0006	0,0004	0,0009	0,0005	0,0004	0,0007	0,001	0,0008	0,0009	0,0008	0,0011	0,0005	0,0013	0,0005	0,0008	0,0007	0,0095	0,0006	0,0102	0,0681					
	005AR05	0,0025	0,0021	0,0014	0,0019	0,0015	0,0032	0,0017	0,0016	0,0016	0,0014	0,0017	0,0017	0,0019	0,0016	0,0019	0,0015	0,0025	0,0012	0,0019	0,004	0,0019	0,0019	0,0018	0,0017	0,002	0,0018	0,0015	0,0015	0,0015	0,0044	0,0017	0,0608	0,0046					
005BF	005AR06	0,0009	0,0006	0,0003	0,0008	0,0007	0,0011	0,0007	0,0008	0,0007	0,0009	0,0007	0,0007	0,0008	0,0006	0,0003	0,0008	0,0008	0,0046	0,0208	0,0004	0,0008	0,0005	0,0009	0,0009	0,0006	0,0009	0,0008	0,0008	0,0006	0,0009	0,005	0,0008	0,0009					
	005BF01	0,7345	0,6383	0,7262	0,919	0,7667	0,9948	0,9064	0,9949	0,9946	0,9941	0,9951	0,995	0,9953	0,9951	0,9957	0,9948	0,9951	0,9944	0,9943	0,9878	0,9935	0,994	0,9926	0,9926	0,9941	0,994	0,9956	0,9943	0,995	0,9686	0,9941	0,7881	0,9042					
	005BF02	0,0432	0,3345	0,0477	0,0405	0,2107	0	0,0348	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0					
	005BF03	0,0383	0,0176	0,0186	0,0278	0,011	0,0005	0,0472	0,0006	0,0008	0,0009	0,0007	0,0005	0,0004	0,0005	0,0004	0,0005	0,0004	0,0007	0,0004	0,0005	0,0009	0,0008	0,0017	0,0008	0,0012	0,0004	0,0004	0,0006	0,0005	0,0006	0,0005	0,001	0,0005					
	005BF04	0	0,0003	0,0006	0,0008	0,0005	0,0004	0,0007	0,0003	0,0006	0,0005	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0005	0,0005	0,0004	0,0004	0,0007	0,0008	0,0003	0,0006	0,0011	0,0004	0,0004	0,0004	0,0005	0,0006	0,0005	0,0035	0,0008	0,015	0,0629					
	005BF05	0,003	0,0025	0,0015	0,0025	0,0021	0,0027	0,0025	0,0028	0,0027	0,0029	0,0025	0,0025	0,0026	0,0027	0,0023	0,0027	0,0025	0,0031	0,0028	0,0029	0,0027	0,003	0,003	0,0024	0,0028	0,0029	0,0022	0,0032	0,0027	0,0061	0,0028	0,0074	0,019					
005BR	005BF06	0,0016	0,0008	0,0009	0,001	0,0009	0,0009	0,001	0,0008	0,0007	0,001	0,0009	0,0009	0,0007	0,0007	0,0005	0,0007	0,0008	0,0006	0,0009	0,0008	0,0074	0,0019	0,0009	0,0022	0,0011	0,001	0,001	0,0007	0,0009	0,0007	0,0106	0,001	0,1881	0,0128				
	005BF07	0,1794	0,0061	0,2045	0,0084	0,0082	0,0006	0,0073	0,0006	0,0006	0,0005	0,0006	0,0005	0,0006	0,0005	0,0007	0,0008	0,0006	0,0007	0,0009	0,0008	0,0007	0,0008	0,0009	0,0012	0,0008	0,0006	0,0006	0,0006	0,0006	0,0007	0,0004	0,0007	0,0007					
	005BR01	0,9952	0,9947	0,9946	0,9958	0,9956	0,9935	0,9958	0,9962	0,9953	0,9964	0,996	0,9958	0,9759	0,9934	0,9952	0,996	0,9961	0,9919	0,9778	0,995	0,9956	0,9958	0,9954	0,9951	0,9956	0,9953	0,9885	0,9511	0,9886	0,9955	0,9933	0,9954	0,9959					
	005BR02	0,0013	0,0017	0,0017	0,0012	0,0016	0,0016	0,0011	0,001	0,0014	0,0009	0,0011	0,0014	0,001	0,0013	0,0015	0,0012	0,0011	0,0023	0,0014	0,0014	0,0013	0,0014	0,0014	0,0014	0,0011	0,0008	0,0461	0,0085	0,0014	0,0012	0,0009	0,0012	0,0019					
	005BR03	0,0025	0,0024	0,0021	0,0021	0,0021	0,004	0,0021	0,0018	0,0024	0,0017	0,0019	0,0018	0,0221	0,0044	0,0017	0,002	0,002	0,0019	0,0028	0,0021	0,002	0,002	0,0019	0,0023	0,002	0,00019	0,0025	0,002	0,002	0,0022	0,0021	0,0023	0,0019					
	005BR04	0,001	0,0011	0,0017	0,0009	0,0007	0,0008	0,001	0,001	0,0009	0,0009	0,001	0,001	0,001	0,0009	0,0017	0,0008	0,0008	0,0038	0,018	0,0015	0,001	0,0008	0,0012	0,0013	0,001	0,0016	0,0009	0,0008	0,0009	0,0035	0,0014	0,001	0,001					
006AF	006AF01	0,0496	0,3246	0,6764	0,4484	0,4068	0,4435	0,4456	0,4574	0,4597	0,472	0,4776	0,4786	0,3933	0,4	0,4602	0,4675	0,5458	0,4747	0,5615	0,4731	0,4726	0,4957	0,5102	0,4523	0,2827	0,4839	0,4434	0,347	0,4795	0,4978	0,5129	0,4165	0,5196					
	006AF02	0,0208																																					

		Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④		
Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2	
011AF	011AF01	0,672	0,6614	0,6937	0,5821	0,6447	0,6222	0,5953	0,5847	0,5804	0,6136	0,6022	0,5125	0,6815	0,6228	0,586	0,5934	0,5676	0,5864	0,6364	0,5753	0,5991	0,5858	0,5939	0,5905	0,442	0,6051	0,548	0,4855	0,439	0,5581	0,5787	0,7237	0,4677	
	011AF02	0,1382	0,1687	0,1217	0,2097	0,1916	0,2153	0,1904	0,2656	0,2627	0,2329	0,2462	0,3281	0,1307	0,2151	0,2641	0,2497	0,2695	0,2553	0,221	0,2871	0,2691	0,2562	0,262	0,2534	0,3985	0,262	0,5889	0,3511	0,3949	0,5685	0,2645	0,0931	0,3118	
	011AF03	0,0801	0,07	0,0745	0,1074	0,0713	0,072	0,1116	0,0748	0,077	0,0733	0,0721	0,0919	0,0769	0,0712	0,0674	0,0719	0,0783	0,0723	0,0603	0,0658	0,064	0,0741	0,0709	0,075	0,1023	0,0585	0,0833	0,1009	0,1045	0,0839	0,076	0,0482	0,1122	
	011AF04	0,0926	0,0842	0,0952	0,0811	0,0796	0,0714	0,0808	0,0569	0,0625	0,0662	0,0614	0,0527	0,0869	0,0757	0,0709	0,071	0,074	0,0758	0,0697	0,059	0,0557	0,0698	0,0592	0,0676	0,0477	0,063	0,0646	0,0494	0,0484	0,069	0,0679	0,1027	0,0721	
	011AF05	0,0162	0,0146	0,0137	0,0191	0,0105	0,018	0,0209	0,0171	0,0165	0,0131	0,0173	0,0141	0,0231	0,0144	0,0105	0,013	0,0098	0,0097	0,0115	0,0111	0,011	0,013	0,0128	0,0073	0,0103	0,0143	0,0128	0,0125	0,0136	0,0121	0,0183	0,0101		
	011AF06	0,001	0,0011	0,0012	0,0006	0,0023	0,0012	0,001	0,0008	0,0009	0,0008	0,0009	0,0007	0,0008	0,0009	0,0011	0,0009	0,0009	0,0005	0,0011	0,0017	0,001	0,0012	0,0012	0,0012	0,0024	0,0011	0,0008	0,0003	0,0006	0,0069	0,0009	0,014	0,0262	
	011AR01	0,2432	0,7273	0,2316	0,3672	0,6995	0,3567	0,33	0,3689	0,3664	0,3575	0,3582	0,3787	0,2243	0,3406	0,3536	0,3657	0,4114	0,3815	0,3408	0,3813	0,3834	0,3776	0,4025	0,3713	0,5891	0,38	0,407	0,5125	0,5896	0,4316	0,4233	0,1313	0,4821	
	011AR02	0,5536	0,2301	0,5898	0,3564	0,2104	0,3286	0,3797	0,3086	0,3274	0,3292	0,3166	0,3171	0,4773	0,3357	0,3461	0,3219	0,3308	0,3034	0,2591	0,357	0,316	0,3251	0,3039	0,3121	0,1411	0,3162	0,1612	0,2756	0,1279	0,2883	0,2792	0,6943	0,219	
	011AR03	0,1487	0,0145	0,1413	0,218	0,0684	0,2795	0,2204	0,2909	0,2852	0,298	0,3023	0,2815	0,1988	0,2948	0,2966	0,3036	0,2534	0,3087	0,395	0,252	0,2918	0,2917	0,2713	0,3084	0,2683	0,2934	0,2965	0,1782	0,2538	0,264	0,2827	0,1319	0,2733	
	011AR04	0,0209	0,0045	0,011	0,0194	0,0046	0,0086	0,0228	0,0099	0,0062	0,0031	0,0074	0,0073	0,0301	0,0074	0,0021	0,001	0,0017	0,0014	0,0029	0,0024	0,0006	0,0064	0,0017	0	0,0024	0,0028	0,0028	0,0067	0,0038	0,0046	0,0136	0,0014		
	011AR05	0,0124	0,0186	0,0073	0,016	0,0124	0,008	0,0182	0,0084	0,0053	0,0047	0,0057	0,0059	0,026	0,0061	0,0008	0,0015	0,0008	0,0014	0,0011	0,0032	0,0028	0,0007	0,0066	0,0017	0,0004	0,0031	0,0019	0,0016	0,005	0,0036	0,0044	0,0093	0,0017	
	011AR06	0,0085	0,003	0,0113	0,0127	0,0025	0,0075	0,0158	0,0073	0,0056	0,0042	0,0059	0,0053	0,0229	0,0072	0,0008	0,0024	0,0011	0,001	0,0014	0,0018	0,0016	0,0019	0,0048	0,0023	0,0004	0,0021	0,0034	0,0018	0,0038	0,0024	0,003	0,0083	0,0012	
	011AR07	0,012	0,0021	0,0077	0,0101	0,0021	0,011	0,0129	0,0058	0,0037	0,0029	0,0039	0,0041	0,0204	0,0079	0,0008	0,0023	0,0014	0,0019	0,0011	0,0018	0,0018	0,0022	0,0042	0,0022	0,0003	0,0025	0,0013	0,0016	0,0021	0,0025	0,0026	0,008	0,0016	
	011AR08	0,0007	0	0	0,0002	0	0,0002	0,0002	0,0003	0,0002	0,0003	0	0,0002	0,0002	0,0002	0	0,0004	0	0,0003	0,0002	0	0,0002	0,0002	0,0003	0,0003	0,0003	0,0004	0	0,0003	0,0039	0,0002	0,0033	0,0198		
	011AR09	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,1255	0,0259	0,0108	0	0	0	
011BF	011BF01	0,6182	0,6214	0,6513	0,5918	0,5073	0,5698	0,6218	0,6075	0,5511	0,5537	0,5683	0,5782	0,6969	0,5892	0,5585	0,5652	0,5891	0,561	0,6097	0,537	0,5826	0,5713	0,5848	0,5477	0,602	0,5753	0,5008	0,4817	0,2568	0,5837	0,5579	0,3691	0,6616	
	011BF02	0,3031	0,0966	0,2596	0,3139	0,2063	0,3801	0,3056	0,2076	0,3549	0,393	0,3759	0,3327	0,2764	0,3726	0,416	0,39	0,3827	0,3897	0,323	0,4198	0,3632	0,3854	0,359	0,407	0,3735	0,3777	0,4504	0,4889	0,6914	0,3679	0,3931	0,59	0,2969	
	011BF03	0,0561	0,262	0,0374	0,0415	0,1338	0,0048	0,0455	0,1479	0,0436	0,0084	0,006	0,041	0,0047	0,0329	0,0052	0,0062	0,0051	0,0101	0,0064	0,0079	0,0064	0,0062	0,006	0,0068	0,0067	0,0067	0,0073	0,0072	0,0115	0,0067	0,0079	0,0148	0,006	
	011BF04	0,012	0,0058	0,0066	0,0147	0,0086	0,0219	0,0133	0,0149	0,0237	0,0254	0,0254	0,0227	0,01	0,0163	0,0106	0,0187	0,0108	0,0165	0,0121	0,0183	0,0244	0,0173	0,025	0,018	0,0089	0,0218	0,0198	0,0099	0,024	0,0215	0,0191	0,0153	0,0087	
	011BF05	0,0067	0,0134	0,0088	0,0132	0,0113	0,0225	0,0125	0,0212	0,0257	0,0193	0,0238	0,0247	0,011	0,0143	0,0091	0,019	0,0117	0,0139	0,0122	0,016	0,0228	0,019	0,0242	0,0195	0,0084	0,0177	0,0213	0,0123	0,016	0,0187	0,0195	0,0081	0,0074	
	011BF06	0	0	0,0352	0,0223	0,127	0	0,0001	0	0,0001	0	0,0001	0	0,0001	0,0001	0	0,0001	0	0,0001	0	0	0,0002	0	0	0,0001	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0001	
	011BF07	0	0,0003	0,0011	0,0012	0,0018	0,0006	0,0006	0,0004	0,0005	0	0,0003	0,0002	0,0007	0,0003	0,0001	0,0004	0	0,0084	0,0363	0,0005	0,0003	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0	0,0004	0,0022	0	0,0004
	011BF08	0,004	0,0003	0	0,0014	0,0038	0,0004	0,0007	0,0004	0,0004	0,0003	0,0003	0,0005	0,0002	0,0003	0,0003	0,0004	0,0003	0,0004	0,0003	0,0003	0,0003	0,0005	0,0005	0,0005	0,0002	0,0005	0	0	0,0002	0,0011	0,0003	0,0026	0,0188	
	011BR01	0,3398	0,3637	0,3246	0,3446	0,3396	0,3823	0,3376	0,3421	0,4039	0,408	0,3798	0,3808	0,2991	0,3752	0,4126	0,2054	0,3693	0,397	0,3438	0,4486	0,3754	0,3843	0,3729	0,4067	0,4031	0,3908	0,4486	0,5002	0,6666	0,3815	0,396	0,6446	0,3239	
	011BR02	0,2416	0,2935	0,2432	0,1851	0,4608	0,2261	0,225	0,0325	0,4424	0,3205	0,5022	0,2178	0,3016	0,1633	0,3119	0,4555	0,3301	0,2949	0,3704	0,2663	0,2821	0,2506	0,4713	0,237	0,0369	0,5091	0,2618	0,2711	0,2245	0,4937	0,4982	0,0648	0,0785	
	011BR03	0,1576	0,2314	0,1944	0,2004	0,1112	0,222	0,1818	0,4806	0,021	0,1364	0,0089	0,2244	0,3241	0,3389	0,2346	0,2065	0,4305	0,2186	0,2211	0,1967	0,1903	0,2176	0,0266	0,1364	0,2227	0,0087	0,0162	0,1722	0,0101	0,0626	0,0081	0,2468	0,533	
	011BR04	0,0194	0,0227	0,0217	0,0245	0,0239	0,0374	0,0227	0,0248	0,0589	0,0483	0,0562	0,0495	0,0169	0,0254	0,0101	0,0268	0,0139	0,0266	0,0205	0,0284	0,0426	0,0316	0,0616	0,0385	0,0118	0,0465	0,0393	0,0216	0,0493	0,0495	0,0486	0,0153	0,0142	
	011BR05	0,0207	0,0273	0,0163	0,0226	0,0141	0,0589	0,0228	0,0597	0,02	0,0353	0,003	0,0587	0,0272	0,0437	0,0138	0,0464	0,0202	0,0258	0,0165	0,0224	0,0463	0,0442	0,0104	0,0448	0,0099	0,0034	0,0351	0,0066	0,0041	0,004	0,0049	0,0072	0,0086	
	011BR06	0,0078	0,0094	0,0054	0,0063	0,0133	0,0186	0,0057	0,0045	0,0419	0,0265	0,0468	0,0239	0,0083	0,0109	0,0049	0,0183	0,0095	0,0156	0,0132	0,0172	0,0235	0,0173	0,0487	0,0049	0,0047	0,0382	0,0247	0,0195	0,0421	0,0407	0,041	0,0129	0,008	
	011BR07	0,1822	0,0237	0,1629	0,1634	0,022	0,0034	0,1548	0,0001	0,0006	0,0012	0,0005	0,0012	0,0004	0,0011	0,0008	0,0034	0,0008	0,0008	0,0006	0,0004	0,002	0,0021	0,0007	0,002	0,0008	0,0004	0,001	0,0002	0,0002	0,0004	0,0004	0	0,0003	
	011BR08	0,0065	0,0095	0,0043	0,0036	0,0054	0,0163	0,0124	0,0033	0,0023	0,0077	0,001	0,0013	0,0004	0,0127	0,0067	0,0257	0,008	0,0088	0,0066	0,0076	0,014	0,0298	0,0036	0,0293	0,2941	0,0013	0,0104	0,0035	0,0009	0,0012	0,0014	0,0011	0,0026	
	011BR09	0,0116	0,0139	0,0087	0,0166	0,0067	0,0307	0,0162	0,0481	0,0081	0,0141	0,0014	0,0284	0,0116	0,0255	0,0039	0,0103	0,0071																	

Marker	haplotype	Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	①	②	③	④	
		Ador	Acer1.1	GRES.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2	
016AR	016AF05	0,0031	0,0003	0,0018	0,0004	0,0003	0,0006	0,0004	0,0002	0,0003	0,0002	0,0004	0,0002	0,0003	0,0002	0,0009	0,0005	0,0004	0,0012	0,0005	0,0002	0,0003	0,0007	0,0008	0,001	0,0002	0,0003	0,0007	0,0185	0,0064	0,0015	0,0003	0,0003	0,0025	0,0059
	016AF06	0	0,0001	0	0,0002	0,0004	0,0004	0,0002	0,0005	0,0005	0,0006	0,0004	0	0,0002	0,0002	0,0006	0,0005	0,0008	0,0007	0,0004	0,0006	0,0005	0,0004	0,0015	0,0009	0,0003	0,0009	0,0008	0,0002	0,0005	0,0043	0,0005	0,0052	0,0224	
	016AF07	0	0,0007	0,0018	0,0011	0,0011	0,0032	0,0011	0,0008	0,001	0,0015	0,0012	0,0008	0,0197	0,0033	0,0019	0,0018	0,0018	0,0012	0,0016	0,0003	0,0015	0,0012	0,0019	0,0014	0,0014	0,0018	0,0005	0,0005	0,0009	0,0017	0,0022	0,002		
	016AF08	0	0,0014	0,0009	0,0007	0,0015	0,0003	0,0005	0,0003	0,0005	0,0002	0,0002	0,0005	0,0003	0,0002	0,0003	0,0004	0,0005	0,0002	0,0005	0,0005	0,0006	0,0008	0,0002	0,0008	0,0007	0,0004	0,0003	0,0002	0,0005	0,0033	0,0006	0,0524	0,0107	
	016AF09	0,0031	0	0,0009	0,0003	0,0005	0,0006	0,0003	0,0002	0,0001	0	0,0002	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0005	0,0002	0,0009	0,0008	0,0002	0,0002	0,0002	0,0004	0,0007	0,0005	0,0003	0,0003	0,0001	0	0,0018	0,0005	0,029	0,003	
	016AR01	0,5313	0,3403	0,5738	0,3905	0,4688	0,3866	0,3715	0,3539	0,3331	0,3759	0,3485	0,3284	0,5179	0,3793	0,7339	0,698	0,7244	0,7255	0,7081	0,7801	0,9177	0,7235	0,7533	0,6916	0,7001	0,3582	0,5934	0,2248	0,6069	0,719	0,9285	0,9424	0,9739	
	016AR02	0,4063	0,5963	0,352	0,5373	0,4674	0,5136	0,5617	0,5507	0,5718	0,5197	0,5601	0,5914	0,4415	0,55	0,0718	0,2233	0,2208	0,2215	0,255	0,1832	0,061	0,2202	0,2005	0,2413	0,265	0,5745	0,3378	0,7457	0,3404	0,2448	0,0539	0,0176	0,0165	
	016AR03	0,0163	0,0263	0,0183	0,0306	0,0251	0,0415	0,0258	0,0423	0,0417	0,0495	0,0388	0,0341	0,0131	0,0286	0,1815	0,0455	0,0314	0,0227	0,0144	0,0165	0,0071	0,0239	0,0194	0,0301	0,0143	0,0281	0,028	0,0108	0,0198	0,0116	0,0053	0,0009	0,001	
	016AR04	0,0238	0,0311	0,0292	0,0357	0,0333	0,0521	0,0346	0,0492	0,05	0,0499	0,0474	0,0405	0,0222	0,0361	0,0117	0,0309	0,0214	0,028	0,0198	0,0174	0,0133	0,0304	0,0247	0,0353	0,0183	0,034	0,0366	0,0124	0,0299	0,0207	0,0114	0,0067	0,0054	
	016AR05	0,0213	0,0059	0,0259	0,0057	0,0051	0,0062	0,0062	0,0038	0,0032	0,005	0,0048	0,0055	0,005	0,0058	0,0008	0,0019	0,0017	0,0019	0,0023	0,0022	0,0005	0,0012	0,0016	0,0015	0,0018	0,0045	0,0042	0,0061	0,0027	0,0014	0,0005	0,0001	0,0001	
016AR06	0,0013	0,0001	0,0008	0,0002	0,0003	0,0001	0,0003	0,0002	0,0002	0	0,0003	0	0,0003	0,0001	0,0003	0,0003	0,0003	0,0004	0,0004	0,0004	0,0005	0,0004	0,0008	0,0005	0,0003	0,0006	0,0007	0	0,0001	0,0003	0,0024	0,0004	0,0323	0,003	
016BF	016BF01	0,7522	0,5633	0,761	0,5976	0,5745	0,4939	0,6126	0,4893	0,4936	0,4898	0,5018	0,4925	0,4702	0,4878	0,4778	0,492	0,4754	0,4935	0,4502	0,5378	0,6384	0,4998	0,5449	0,6861	0,479	0,4965	0,5026	0,5218	0,5052	0,502	0,4964	0,6288	0,4593	
	016BF02	0,2473	0,4363	0,2381	0,0184	0,4247	0,5061	0,3868	0,5103	0,5059	0,5095	0,4977	0,5071	0,5296	0,5119	0,5219	0,5077	0,5244	0,5062	0,5494	0,4617	0,361	0,4999	0,4546	0,3126	0,5206	0,503	0,4972	0,4767	0,4944	0,4875	0,5031	0,3139	0,5034	
016BR	016BF03	0,0004	0,0005	0,0009	0,0007	0,0008	0	0,0007	0,0004	0,0005	0,0006	0,0005	0,0004	0,0002	0,0004	0,0003	0,0003	0,0002	0,0003	0,0003	0,0005	0,0006	0,0004	0,0005	0,0013	0,0004	0,0005	0,0002	0,0014	0,0004	0,0105	0,0005	0,0573	0,0373	
	016BR01	0,7611	0,5471	0,8029	0,5885	0,6484	0,4906	0,5985	0,4899	0,4828	0,5311	0,5238	0,488	0,4772	0,4897	0,7329	0,7399	0,7312	0,8043	0,7207	0,7761	0,9323	0,7387	0,7738	0,7493	0,7512	0,7114	0,7513	0,6565	0,7486	0,7395	0,94	0,7466	0,6618	
017AF	016BR02	0,2127	0,4492	0,1941	0,4093	0,3492	0,5076	0,3971	0,5083	0,5154	0,4666	0,4742	0,5101	0,5209	0,5084	0,2639	0,2572	0,2645	0,1903	0,2559	0,2202	0,0639	0,259	0,2228	0,2469	0,2458	0,2858	0,2457	0,3407	0,2488	0,2553	0,0548	0,2225	0,3334	
	016BR03	0,0019	0,0009	0,002	0,0014	0,0014	0,0009	0,0015	0,001	0,0013	0,0014	0,0013	0,0012	0,0013	0,0013	0,0017	0,0018	0,0035	0,0035	0,022	0,0018	0,0022	0,0015	0,0016	0,0017	0,002	0,0017	0,0019	0,0012	0,0016	0,0021	0,0033	0,0021	0,002	
	016BR04	0,0237	0,0022	0,0006	0,0004	0,0006	0,0006	0,0025	0,0005	0,0003	0,0003	0,0003	0,0004	0,0002	0,0004	0,0005	0,0005	0,0004	0,0009	0,0009	0,001	0,0009	0,0003	0,0009	0,0012	0,0005	0,0008	0,0009	0,0012	0,0006	0,0006	0,001	0,0006	0,0006	
	016BR05	0,0006	0,0005	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0004	0,0003	0,0003	0,0005	0,0004	0,0003	0,0005	0,0003	0,0011	0,0005	0,0004	0,0011	0,0005	0,0008	0,0008	0,0005	0,0009	0,0008	0,0004	0,0003	0,0003	0,0003	0,0005	0,0025	0,0009	0,0281	0,0021	
	017AF01	0,261	0,2699	0,5091	0,4721	0,3687	0,4495	0,4474	0,4737	0,4693	0,4764	0,4593	0,4837	0,4554	0,3314	0,5249	0,4897	0,5391	0,5045	0,5207	0,512	0,467	0,4727	0,4659	0,1946	0,4953	0,4784	0,2053	0,4007	0,1763	0,3621	0,4777	0,3651	0,5903	
	017AF02	0,1003	0,2492	0,184	0,2219	0,2712	0,2248	0,212	0,2201	0,2146	0,22	0,2165	0,207	0,2126	0,2707	0,253	0,2174	0,2191	0,2107	0,2077	0,1907	0,2119	0,2508	0,2168	0,5136	0,2293	0,2191	0,5342	0,4387	0,5339	0,3767	0,2132	0,3612	0,2024	
	017AF03	0,1041	0,2759	0,1745	0,2349	0,2505	0,2256	0,2491	0,2212	0,2331	0,232	0,2364	0,2262	0,2085	0,2246	0,1959	0,2296	0,2031	0,2523	0,2483	0,2601	0,24	0,2306	0,2383	0,2324	0,2492	0,2339	0,2134	0,1258	0,2223	0,1771	0,2366	0,0975	0,1601	
	017AF04	0,0327	0,0095	0,0653	0,0241	0,0101	0,0368	0,0249	0,0386	0,0366	0,0264	0,0348	0,0408	0,0671	0,021	0,0074	0,0247	0,0114	0,009	0,0046	0,0142	0,0322	0,013	0,0334	0,0146	0,0053	0,0274	0,0135	0,0078	0,0209	0,0351	0,0291	0,0744	0,0199	
	017AF05	0,015	0,0066	0,0232	0,0145	0,0064	0,0301	0,0161	0,0178	0,0163	0,0163	0,0199	0,0149	0,0278	0,1226	0,0058	0,0135	0,009	0,0058	0,0035	0,0075	0,0166	0,011	0,0165	0,0165	0,0051	0,0138	0,0113	0,006	0,0182	0,0237	0,0145	0,0651	0,012	
	017AF06	0,0154	0,0069	0,0302	0,0147	0,007	0,025	0,0181	0,0211	0,0232	0,0205	0,025	0,0201	0,0212	0,0191	0,0052																			

Marker	haplotype	D	C	1	2	3	1	2	3	4	5	6	7	8	9	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4			
		Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2		
019CR	019CF04	0,8462	0,0907	0,0004	0	0	0	0,0843	0	0	0	0	0,0001	0	0	0	0	0,0281	0,0226	0,0173	0,0277	0,0429	0,0326	0	0,0002	0	0,034	0,0215	0,0408	0,0356	0,0159	0,0481	0,0414	0,0456	0,0122	0,0159
	019CF05	0,0008	0,0031	0,0068	0,0096	0,0055	0,0363	0,0071	0,0356	0,0404	0,0398	0,0289	0,0513	0,0075	0,0247	0,0167	0,034	0,0281	0,0226	0,0173	0,0277	0,0429	0,0326	0,055	0,034	0,0215	0,0408	0,0356	0,0159	0,0481	0,0414	0,0456	0,0122	0,0159		
	019CF06	0,0293	0,5533	0,0829	0,0626	0,2991	0,0007	0,0588	0,0007	0,0007	0,0011	0,0005	0,0008	0,0006	0,0007	0,0005	0,0005	0,0006	0,001	0,0005	0,0003	0,0007	0,0007	0,0007	0,0011	0,0004	0,0008	0,0001	0,0005	0,0004	0,0005	0,0004	0,0017	0,0005		
	019CF07	0	0,0001	0,0004	0,0003	0,0002	0,0004	0,0002	0,0005	0,0007	0,0003	0,0003	0,0005	0,0001	0,0003	0,0009	0,0004	0,0005	0,0005	0,0007	0,0002	0,0005	0,0005	0,0007	0,001	0,0006	0,0004	0,0008	0,0001	0,0004	0,0073	0,0007	0,007	0,0319		
	019CF08	0	0,0001	0	0,0003	0,0002	0,0003	0,0002	0,0005	0,0005	0,0005	0,0004	0,0006	0,0004	0,0005	0,0009	0,0006	0,0005	0,0004	0,0003	0,0005	0,0007	0,0005	0,0009	0,0009	0,0001	0,0006	0,0004	0,0004	0,0003	0,0073	0,0004	0,0063	0,0329		
	019CF09	0	0	0	0,0001	0,0001	0,0075	0	0	0	0	0	0	0,0681	0,0097	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
	019CF10	0	0	0,0004	0	0,0002	0,0002	0	0,0001	0,0003	0,0006	0,0002	0,0002	0	0	0,0003	0,0003	0,0002	0,0003	0,0002	0,0003	0,0004	0	0,0004	0,0003	0,0002	0,0008	0,0002	0,0005	0,0003	0,0036	0,0003	0,0035	0,0179		
	019CF11	0,0046	0,0013	0,0864	0,0025	0,0023	0	0,0016	0	0	0,0001	0,0003	0,0001	0	0	0,0001	0	0,0001	0	0,0002	0,0002	0,0002	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0001	0,0002	0	0,0001	0,0002	0,0002	0	0,0001		
	019CR01	0,1281	0,708	0,7649	0,7308	0,7628	0,5366	0,6541	0,487	0,4871	0,5228	0,665	0,4803	0,7931	0,623	0,4837	0,4841	0,481	0,5019	0,477	0,5236	0,4961	0,4821	0,4876	0,4874	0,4886	0,5134	0,4757	0,45	0,4746	0,4841	0,4796	0,8229	0,4756		
	019CR02	0,0523	0,205	0,1433	0,2627	0,2311	0,46	0,2515	0,5106	0,5105	0,4741	0,3328	0,5171	0,204	0,3744	0,514	0,5135	0,5161	0,4937	0,5198	0,4738	0,5012	0,5122	0,5096	0,5065	0,4903	0,4843	0,5162	0,5299	0,5193	0,5057	0,5172	0,1663	0,4891		
	019CR03	0,8141	0,0829	0,0008	0,0003	0,0001	0,0008	0,0901	0,0005	0,0005	0,0006	0,0003	0,0008	0,0002	0,0003	0,0004	0,0005	0,0006	0,0004	0,0006	0,0003	0,0005	0,0003	0,0005	0,0005	0,0005	0,0004	0,0005	0,0009	0,0006	0,0006	0,0006	0,0003	0,0005		
	019CR04	0	0	0,0003	0,0005	0,0002	0,0005	0,0003	0,0005	0,0003	0,0005	0,0003	0,0003	0,0003	0,0005	0,0002	0,0003	0,0004	0,0005	0,0004	0,0005	0,0004	0,0008	0,0006	0,0009	0,0012	0,0003	0,0003	0,0004	0,0003	0,008	0,0005	0,0091	0,0329		
	019CR05	0,0003	0,0017	0,0033	0,0002	0,0018	0,0012	0,0017	0,0007	0,001	0,0011	0,0012	0,0007	0,0017	0,0012	0,0013	0,0012	0,0012	0,0009	0,0011	0,001	0,001	0,0009	0,001	0,001	0,0001	0,0009	0,0067	0,0183	0,0046	0,0008	0,0009	0,0003	0,0012		
020AF	019CR06	0,0051	0,0023	0,0874	0,0034	0,0036	0,0005	0,0022	0,0005	0,0005	0,0005	0,0002	0,0004	0,0006	0,0005	0,0002	0,0002	0,0004	0,0004	0,0004	0,0005	0,0007	0,0003	0,0004	0,0005	0,0004	0,0005	0,0002	0,0002	0,0004	0,0005	0,0006	0	0,0004		
	019CR07	0	0	0,0003	0,0004	0,0003	0,0002	0,0002	0,0001	0,0005	0,0001	0,0003	0,0001	0	0,0003	0,0002	0,0003	0,0023	0,0007	0,0003	0,0004	0,0029	0,0004	0,0033	0,018	0,0003	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0006	0,001	0,0003			
	020AF01	0,3735	0,4305	0,326	0,5213	0,507	0,3093	0,5954	0,3204	0,3648	0,392	0,3699	0,3133	0,0809	0,3371	0,3877	0,4475	0,3951	0,4186	0,5859	0,5247	0,3779	0,4391	0,3789	0,4391	0,4026	0,3722	0,4694	0,7616	0,4334	0,3662	0,3652	0,2973	0,4397		
	020AF02	0,0426	0,259	0,033	0,2232	0,226	0,3261	0,2156	0,3595	0,298	0,2817	0,2771	0,3524	0,6124	0,3142	0,3317	0,2409	0,3505	0,3148	0,186	0,2058	0,2456	0,2571	0,2897	0,2516	0,3522	0,3293	0,2383	0,1301	0,2603	0,2989	0,3423	0,5452	0,24		
	020AF03	0,1149	0,226	0,1144	0,2232	0,1871	0,2294	0,1169	0,2099	0,2115	0,206	0,224	0,2022	0,1271	0,2445	0,2579	0,215	0,1881	0,2186	0,2074	0,2066	0,2175	0,2169	0,2013	0,2816	0,1971	0,2117	0,0517	0,1878	0,2278	0,2208	0,0366	0,2221			
	020AF04	0,007	0,0241	0,0056	0,0293	0,0234	0,0715	0,023	0,0607	0,0655	0,0604	0,0683	0,0773	0,1011	0,0557	0,0105	0,0497	0,0375	0,0243	0,0109	0,029	0,0584	0,047	0,0708	0,0514	0,0282	0,0482	0,0503	0,0167	0,0629	0,0553	0,0421	0,0197	0,0331		
	020AF05	0,0043	0,0182	0,0046	0,0194	0,0136	0,041	0,0155	0,0346	0,0446	0,045	0,0437	0,0352	0,0383	0,0317	0,0087	0,0364	0,0204	0,0172	0,006	0,0195	0,038	0,0303	0,0369	0,0308	0,0132	0,025	0,0344	0,0097	0,0355	0,026	0,0178	0,005	0,007		
	020AF06	0,4555	0,0359	0,5144	0,039	0,0381	0,0003	0,0271	0,0001	0,0002	0,0005	0,0002	0,0001	0,0002	0,0003	0	0,0002	0,0001	0	0,0002	0,0002	0,0004	0,0002	0,0002	0,0003	0,0001	0,0002	0,0003	0	0,0003	0,0002	0,0001	0	0,0002		
	020AF07	0,0014	0,0054	0,0012	0,0067	0,0034	0,0214	0,0045	0,0136	0,0146	0,0135	0,0155	0,0185	0,0388	0,0154	0,0026	0,0095	0,0071	0,0055	0,0021	0,0048	0,0113	0,0071	0,0141	0,009	0,0053	0,0121	0,0101	0,0029	0,0149	0,0129	0,0106	0,0028	0,0031		
	020AF08	0	0,0002	0	0,0003	0	0,0003	0,0002	0,0003	0,0002	0,0002	0,0004	0,0002	0,0003	0,0001	0,0001	0,0003	0	0,0001	0,0006	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0001	0,0001	0	0,0002	0,0107	0,0002	0,0283	0,0522		
	020AF09	0,0002	0	0,0004	0,0008	0,0005	0,0003	0,0008	0,0003	0,0001	0	0,0003	0,0003	0	0,0004	0,0002	0,0004	0,0004	0,0002	0,0007	0,0083	0,0504	0,0005	0,0076	0,0007	0,0003	0,0005	0,0009	0,0006	0,0006	0,0004	0,0003	0,0011	0,0004		
020AR	020AF10	0,0005	0,0005	0,0003	0,0008	0,0006	0,0005	0,0008	0,0004	0,0002	0,0005	0,0005	0,0003	0,0001	0,0005	0,0003	0,0002	0,0005	0,0005	0,0006	0,0007	0,0003	0,0007	0,0003	0,0008	0,0005	0,0003	0,0003	0,0037	0,0265	0,0039	0,0003	0,0001	0	0,0004	
	020AF11	0	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001	0	0,0002	0,0002	0	0,0002	0	0,0003	0,0004	0,0002	0	0,0002	0,0001	0,0002	0,0002	0,0001	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0004	0,0003	0,0641	0,0017		
	020AR01	0,3691	0,3313	0,3517	0,3584	0,3933	0,2569	0,4076	0,2674	0,2915	0,3331	0,3062	0,2821	0,1116	0,2731	0,3288	0,4174	0,3722	0,3859	0,5075	0,4712	0,4029	0,4044	0,3937	0,4204	0,371	0,3591	0,4346	0,5915	0,4131	0,3805	0,3592	0,3475	0,4475		
	020AR02	0,0355	0,2135	0,0293	0,1953	0,1998	0,2951	0,1811	0,308	0,2735	0,2419	0,2549	0,2846	0,4609	0,2864	0,2917	0,2301	0,2952	0,2782	0,1619	0,1977	0,2302	0,2389	0,2387	0,236	0,303	0,2673	0,2112	0,1243	0,2166	0,2453	0,2781	0,5217	0,2108		
	020AR03	0,5139	0,2823	0,5586	0,1955	0,2439	0,2366	0,14	0,2306	0,2336	0,254	0,2373	0,2271	0,191	0,2599	0,2902	0,2254	0,1993	0,2271	0,2078	0,2151	0,2282	0,234	0,2186	0,2177	0,1972	0,2219	0,0191	0,0501	0,2037	0,2409	0,2303	0,0366	0,2333		
	020AR04	0,0606	0,1374	0,0449	0,1813	0,1256	0,1189	0,2133	0,1334	0,1348	0,1247	0,1351	0,1341	0,0487	0,1109	0,0585	0,084	0,088	0,0664	0,098	0,0841	0,0884	0,0798	0,0876	0,0817	0,0852	0,0954	0,1191	0,2138	0,1132	0,0698	0,0816	0,0199	0,046		
	020AR05	0,0073	0,0207	0,0052	0,0257	0,0225	0,0538	0,0218	0,034	0,0365	0,0371	0,0382	0,0405	0,1129	0,045	0,0233	0,0283	0,0315	0,0195	0,0235	0,0303	0,0296	0,0375	0,0292	0,0308	0,0355	0,0306	0,0134	0,0313	0,0339	0,0328	0,0432	0,022			
	020AR06	0,0029	0,0038	0,003	0,0052	0,0032	0,0169	0,0041	0,0107	0,0106	0,0102	0,0124	0,0121	0,0477	0,012	0,0024	0,0063	0,0047	0,0039	0,0024	0,0036	0,0094	0,0057	0,0118	0,0069	0,00										

Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④
021BR02	0.2837	0.4693	0.2405	0.4933	0.4476	0.4312	0.5436	0.4414	0.4241	0.4276	0.4259	0.4417	0.5517	0.4326	0.4631	0.4403	0.4458	0.4297	0.3733	0.4509	0.4378	0.4279	0.4486	0.4379	0.4622	0.4487	0.4189	0.4439	0.2605	0.4643	0.4367	0.8442	0.5165							
021BR03	0.0006	0.0007	0.001	0.0012	0.0006	0.0007	0.0006	0.0008	0.0011	0.0011	0.0008	0.0007	0.0007	0.0007	0.0004	0.0007	0.0006	0.005	0.0203	0.0008	0.0009	0.0008	0.0007	0.0008	0.0007	0.0004	0.0005	0.0008	0.0008	0.0041	0	0.0005								
021BR04	0.0004	0.0008	0.0005	0.0009	0.0009	0.0009	0.0009	0.0004	0.0005	0.0006	0.0005	0.0007	0.0008	0.0005	0.0006	0.0006	0.0006	0.001	0.0007	0	0.0004	0.0004	0.0008	0.0007	0.0009	0.0002	0.0006	0.0002	0.0051	0.0006	0.0085	0	0.0022							
021BR05	0.0014	0.0003	0.0009	0.0012	0.0008	0.0006	0.0008	0.0005	0.0006	0.0007	0.0004	0.0007	0.0006	0.0012	0.0003	0.0008	0.0006	0.0039	0.017	0.0006	0.0007	0.0006	0.0007	0.0009	0.0008	0.0007	0.0008	0.0006	0.0008	0.0006	0.0037	0	0.0003							
025AF01	0.4167	0.3377	0.3743	0.5588	0.4432	0.48	0.5968	0.5246	0.5179	0.5245	0.5191	0.5258	0.5139	0.5014	0.5356	0.512	0.5202	0.5206	0.5327	0.5311	0.5163	0.5183	0.5318	0.5138	0.5041	0.4829	0.5261	0.6021	0.5423	0.3899	0.454									
025AF02	0.4477	0.2377	0.4852	0.2105	0.2394	0.2874	0.1867	0.2403	0.2418	0.2861	0.2834	0.233	0.2395	0.2558	0.2221	0.2387	0.2301	0.2449	0.2131	0.237	0.2423	0.2403	0.238	0.2412	0.234	0.4355	0.2346	0.241	0.2389	0.1946	0.2299	0.316	0.2015							
025AF03	0.1181	0.26	0.1249	0.2152	0.2346	0.2293	0.2032	0.2299	0.2338	0.1853	0.192	0.2359	0.2431	0.2382	0.2397	0.244	0.2453	0.231	0.2522	0.2284	0.2355	0.237	0.2244	0.2397	0.2021	0.0443	0.2564	0.2736	0.2304	0.1959	0.2237	0.2857	0.3041							
025AF04	0.0051	0.0221	0.004	0.0057	0.0121	0.0033	0.0051	0.0052	0.0065	0.0041	0.0055	0.0036	0.0046	0.0026	0.0052	0.0044	0.0034	0.0021	0.0035	0.0059	0.0044	0.0058	0.0053	0.0025	0.0017	0.0049	0.0025	0.0046	0.0036	0.004	0.0025	0.0028								
025AF05	0.0125	0.1425	0.0116	0.0098	0.0707	0	0.0081	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0001	0	0							
025AF06	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0039	0	0.0058	0.0376							
025AR01	0.6876	0.8152	0.6537	0.9734	0.9061	0.9951	0.9744	0.9963	0.9966	0.9961	0.9956	0.9964	0.9947	0.9957	0.9965	0.9961	0.996	0.9944	0.9933	0.9957	0.9962	0.9943	0.9957	0.9933	0.9865	0.9958	0.9956	0.9968	0.9889	0.9954	0.7919	0.9837								
025AR02	0.0189	0.1774	0.0193	0.0157	0.0848	0.0027	0.0172	0.0016	0.0014	0.0019	0.0021	0.0016	0.0033	0.0021	0.0018	0.0019	0.0019	0.0026	0.0046	0.002	0.0019	0.0018	0.0016	0.0021	0.002	0.0022	0.0023	0.0024	0.0014	0.002	0.0024	0.001	0.0034							
025AR03	0.2907	0.0055	0.3257	0.0087	0.0075	0.0008	0.0064	0.0005	0.0007	0.0005	0.0006	0.0005	0	0.0007	0.0004	0.0006	0.0009	0.0015	0.0007	0.0007	0.0006	0.0023	0.0013	0.0023	0.0101	0.0005	0.0004	0.0007	0.0004	0.0008	0.0006	0.0007								
025AR04	0.0028	0.0019	0.0013	0.0022	0.0016	0.0013	0.002	0.0016	0.0012	0.0016	0.0016	0.0015	0.002	0.0015	0.0013	0.0013	0.0013	0.0015	0.0014	0.0016	0.0013	0.0016	0.0015	0.0022	0.0013	0.0015	0.0018	0.0013	0.0014	0.0082	0.0014	0.2065	0.0123							
034AF01	0.0573	0.6228	0.7908	0.5699	0.6201	0.5741	0.5113	0.5735	0.562	0.5571	0.5589	0.5962	0.7431	0.5759	0.5624	0.5369	0.541	0.5286	0.4842	0.539	0.5545	0.538	0.5773	0.5397	0.5244	0.566	0.5473	0.52	0.5851	0.6019	0.5819	0.4717	0.5482							
034AF02	0.0258	0.3001	0.2086	0.4296	0.3795	0.4252	0.3812	0.4261	0.4375	0.4425	0.4407	0.4031	0.2564	0.4326	0.4372	0.4627	0.4584	0.4708	0.5148	0.4607	0.445	0.4617	0.4218	0.4597	0.4749	0.4332	0.452	0.4794	0.414	0.397	0.4174	0.5278	0.4512							
034AF03	0.9169	0.0771	0.0005	0.0006	0.0005	0.0008	0.1075	0.0005	0.0004	0.0004	0.0007	0.0004	0.0005	0.0003	0.0004	0.0006	0.0005	0.0011	0.0003	0.0005	0.0003	0.0009	0.0006	0.0007	0.0008	0.0006	0.0005	0.0009	0.0011	0.0007	0.0005	0.0006								
034AR01	0.0547	0.0483	0.4418	0.4823	0.2774	0.5378	0.4607	0.5318	0.5383	0.5128	0.5155	0.5663	0.6889	0.5383	0.5535	0.5196	0.5166	0.5133	0.4728	0.53	0.5138	0.5164	0.5439	0.5009	0.5172	0.5367	0.5193	0.4967	0.5423	0.5575	0.5366	0.3746	0.5247							
034AR02	0.0326	0.493	0.2287	0.4282	0.4834	0.41	0.3952	0.4175	0.417	0.4398	0.4288	0.3958	0.2519	0.4241	0.4378	0.4499	0.4635	0.4632	0.5098	0.4462	0.4311	0.4506	0.4138	0.4448	0.4644	0.4161	0.4377	0.4812	0.4046	0.3805	0.4107	0.3474	0.4064							
034AR03	0.4621	0.0103	0.0001	0	0	0	0.0233	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0001	0	0	0							
034AR04	0.4346	0.0209	0.0002	0	0	0	0.0449	0	0	0	0.0001	0.0001	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0001	0.0001	0	0	0.0002							
034AR05	0.0091	0.4194	0.1805	0.0621	0.2275	0.0289	0.0516	0.0268	0.0249	0.0232	0.0292	0.0203	0.0327	0.0203	0.0037	0.0148	0.0096	0.0103	0.0065	0.0103	0.0283	0.0164	0.0238	0.0295	0.0075	0.024	0.0208	0.0118	0.0295	0.0219	0.0278	0.0522	0.0165							
034AR06	0.0031	0.0042	0.0087	0.0001	0.0058	0.0213	0.0201	0.0223	0.0186	0.0223	0.0249	0.0163	0.0252	0.0155	0.0035	0.0137	0.0087	0.0117	0.0089	0.0116	0.0253	0.0144	0.0163	0.023	0.0087	0.0209	0.0195	0.0086	0.0218	0.0234	0.0617	0.0287								
034AR07	0.0001	0.0022	0.0008	0.0016	0.0016	0.0015	0.0014	0.0014	0.001	0.0019	0.0015	0.001	0.0011	0.0018	0.0015	0.0019	0.0015	0.0014	0.002	0.0017	0.0013	0.0019	0.0017	0.0019	0.0019	0.0019	0.0026	0.0016	0.0013	0.0122	0.0013	0.1408	0.0197							
034AR08	0.0038	0.0008	0.1385	0.0054	0.0033	0	0.0025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0							
034AR09	0	0.0008	0.0007	0.0003	0.001	0.0005	0.0002	0	0.0002	0	0	0.0001	0	0	0	0	0	0	0	0.0002	0.0002	0.0003	0.0002	0.0001	0	0	0	0	0	0.0002	0.0029	0.0001	0.0233	0.0038						
036AF01	0.7554	0.5722	0.7526	0.7286	0.6546	0.7687	0.7341	0.7384	0.743	0.7563	0.7496	0.7418	0.8518	0.7593	0.7389	0.7398	0.7585	0.669	0.5082	0.7511	0.7394	0.7444	0.7502	0.7356	0.7414	0.7493	0.7433	0.7739	0.7578	0.5517	0.6788	0.8324	0.6442							
036AF02	0.2203	0.4267	0.2147	0.2703	0.3439	0.2311	0.2648	0.261	0.2566	0.2428	0.2501	0.2577	0.1481	0.2403	0.2607	0.2597	0.2412	0.3304	0.4906	0.2482	0.2602	0.255	0.2493	0.2638	0.2581	0.2503	0.2562	0.2255	0.2419	0.4477	0.3207	0.1676	0.3548							
036AF03	0.0243	0.0012	0.0327	0.0011	0.0015	0.0002	0.0011	0.0006	0.0004	0.0009	0.0003	0.0004	0.0002	0.0004	0.0004	0.0004	0.0002	0.0006	0.0013	0.0008	0.0004	0.0006	0.0005	0.0006	0.0004	0.0004	0.0005	0.0006	0.0003	0.0006	0.0005	0	0.001							
036AR01	0.4522	0.5023	0.4628	0.4682	0.5125	0.5209	0.4203	0.5168	0.514	0.498	0.5056	0.5153	0.5811	0.5257	0.5117	0.507	0.4857	0.5017	0.5463	0.5002	0.5132	0.5196	0.5104	0.5134	0.5302	0.5038	0.5154	0.4988	0.5084	0.4876	0.5115	0.1593	0.4126							
036AR02	0.5471	0.4967	0.5354	0.5304	0.4865	0.4785	0.5784	0.4827	0.4854	0.5016	0.4936	0.484	0.5181	0.4375	0.4874	0.4923	0.5131	0.4974	0.4529	0.4993	0.4862	0.4791	0.4888	0.4539	0.4693	0.4953	0.4805	0.4764	0.4868	0.5076	0.4877	0.8335	0.561							
036AR03	0.0007	0.0006	0.0013	0.0009	0.0005	0.0003	0.0009	0.0002	0.0003	0.0002	0.0004	0.0004	0.0004	0.0005	0.0006	0.0005	0.0006	0.0006	0.0003	0.0003	0.0002	0.0005	0.0004	0.0003	0.0002	0.0003	0.004	0.0246	0.0044	0.0008	0.0004	0.004	0.0017							
036AR04	0	0.0005	0.0004	0.0004	0.0004	0.0002	0.0004	0.0002	0.0004	0.0002	0.0004	0.0004	0.0006	0.0003	0.0003	0.0003	0.0007	0.0004	0.0005	0.0002	0.0004	0.0007	0.0004	0.0004	0.0003	0.0005	0.0002	0.0002	0.0004	0.004	0.0004	0.0032	0.0247							
041AF01	0.7431	0.5212	0.7732	0.5087	0.522	0.5116	0.5048	0.506	0.5113	0.5109	0.5106	0.5086	0.4875	0.4954	0.5247	0.5075	0.4855	0.5022	0.5301	0.4626	0.507	0.4991	0.5028	0.4997	0.4748	0.5214	0.5215	0.6489	0.5232	0.525	0.4971	0.3372	0.5529							
041AF02	0.2338	0.4655	0.2063	0.4584	0.4569	0.4																																		

	Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④			
Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2	
049AF	043AR06	0,0029	0,0121	0,0084	0,0152	0,0122	0,0231	0,0142	0,0324	0,0298	0,0256	0,0291	0,028	0,0087	0,0169	0,0079	0,025	0,014	0,0161	0,0197	0,0177	0,0288	0,0223	0,0253	0,0273	0,0122	0,0208	0,0016	0,0125	0,0012	0,022	0,019	0,0017	0,0082	
	043AR07	0,5833	0,015	0	0	0	0	0,0149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001	0,0012	0,0002	0,0007	0,0046	0,0001	0,0001	0,0002	0,0059	0	0,001	0,0245
	043AR08	0	0	0	0,0003	0,0001	0	0,0002	0,0001	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	0	0	0	0,0002	0,0002	0	0,0002	0,0001	0,0001	0,0012	0,0002	0,0007	0,0046	0,0001	0,0001	0	0,0002	0,0001	0,0059	0	0,001	0,0245
	043AR09	0,1876	0,0031	0	0	0	0	0,0037	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	049AF01	0,3941	0,398	0,387	0,4104	0,3872	0,3889	0,3933	0,3873	0,3855	0,3916	0,402	0,4219	0,3851	0,435	0,4758	0,4365	0,5308	0,4289	0,5197	0,3906	0,4134	0,4119	0,3957	0,4173	0,4541	0,4235	0,4354	0,4482	0,4128	0,452	0,4437	0,338	0,4102	
	049AF02	0,2585	0,4128	0,2557	0,3927	0,4321	0,3778	0,3866	0,4035	0,385	0,4052	0,3969	0,4097	0,2757	0,4469	0,4388	0,4371	0,4112	0,4244	0,4278	0,4661	0,4539	0,4132	0,4262	0,4527	0,4963	0,4173	0,4466	0,4698	0,4053	0,4302	0,4209	0,5548	0,544	
	049AF03	0,1826	0,0938	0,1938	0,0999	0,0917	0,1165	0,1125	0,1076	0,1146	0,1065	0,103	0,0862	0,158	0,0575	0,0404	0,0657	0,0276	0,0717	0,026	0,0717	0,0699	0,0887	0,0919	0,0661	0,0246	0,0813	0,0583	0,0425	0,0918	0,0587	0,069	0,0397	0,0204	
	049AF04	0,1145	0,0899	0,1079	0,0881	0,0804	0,1145	0,1031	0,1013	0,1144	0,0961	0,0976	0,0818	0,1721	0,0586	0,0451	0,0601	0,03	0,0738	0,0259	0,0705	0,0624	0,0856	0,0855	0,0633	0,0244	0,0775	0,0583	0,0391	0,0897	0,0575	0,066	0,0398	0,0229	
	049AF05	0,0331	0,0026	0,0369	0,0054	0,0053	0,0009	0,0028	0,0001	0	0,0001	0,0002	0,0001	0,0052	0,0008	0	0,0002	0,0002	0,0003	0,0001	0	0,0003	0,0002	0,0004	0,0004	0,0001	0,0001	0	0,0002	0,0002	0	0,0003	0,0003	0	
	049AF06	0,0172	0,0028	0,0184	0,0032	0,003	0,0011	0,0013	0	0	0	0	0	0,0037	0,0006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0003	0,0001	0	0	0,0001	0	
049AR	049AF07	0	0,0001	0,0002	0,0003	0,0002	0,0003	0,0003	0,0002	0,0004	0,0005	0,0002	0,0003	0,0002	0,0005	0	0,0002	0,0003	0,0008	0,0005	0,001	0,0003	0,0003	0,0004	0,0002	0,0001	0,0003	0,0005	0,0004	0,0003	0,0013	0,0003	0,0273	0,0022	
	049AR01	0,564	0,4542	0,56	0,5074	0,4488	0,4759	0,5	0,4844	0,4774	0,4726	0,4952	0,5051	0,5349	0,5114	0,5237	0,5053	0,5796	0,4737	0,5507	0,4503	0,4845	0,4643	0,4743	0,4878	0,4965	0,5046	0,5	0,4999	0,4996	0,5164	0,5073	0,3723	0,4537	
	049AR02	0,3376	0,4344	0,3311	0,4406	0,4301	0,4374	0,4501	0,4821	0,4449	0,4508	0,4693	0,4777	0,3836	0,4611	0,4421	0,4747	0,411	0,4284	0,4276	0,4908	0,4939	0,4471	0,4943	0,4873	0,4887	0,4699	0,4668	0,4427	0,4713	0,4577	0,4678	0,5294	0,4826	
	049AR03	0,0332	0,0208	0,0357	0,0177	0,0181	0,0246	0,0216	0,0152	0,0217	0,0185	0,0152	0,012	0,0411	0,0116	0,0093	0,0099	0,0049	0,0134	0,0049	0,0118	0,0097	0,0148	0,0133	0,0095	0,0044	0,0109	0,0088	0,0076	0,0138	0,0088	0,01	0,0067	0,005	
	049AR04	0,0313	0,0176	0,0317	0,0167	0,0146	0,0233	0,0188	0,0132	0,0185	0,0139	0,0152	0,0115	0,0382	0,0079	0,0073	0,0074	0,0021	0,0124	0,0071	0,0096	0,0074	0,0125	0,0133	0,0083	0,0033	0,0102	0,0098	0,0065	0,0133	0,0076	0,0091	0,0072	0,0032	
	049AR05	0,0033	0,0379	0,0067	0,0061	0,0398	0,0198	0,0031	0,0022	0,0187	0,0216	0,0025	0,0017	0,001	0,0013	0,0091	0,001	0,00377	0,0051	0,0187	0,0015	0,0317	0,0019	0,0033	0,003	0,0019	0,0084	0,0016	0,0007	0,0171	0,0206	0,0298	0,0025	0,0025	
	049AR06	0,0036	0,0325	0,0051	0,0066	0,0434	0,0182	0,0031	0,0019	0,0182	0,0219	0,0017	0,0013	0,0008	0,0013	0,0081	0,001	0,0007	0,0338	0,0041	0,0183	0,0024	0,0288	0,002	0,003	0,0033	0,002	0,0056	0,0015	0,0007	0,0023	0,0023	0,046	0,0043	
	049AR07	0,0267	0,0025	0,0294	0,0047	0,005	0,0007	0,0027	0,0005	0,0004	0,0004	0,0005	0,0004	0,0003	0,0003	0,0003	0,0004	0,0005	0,0003	0,0004	0,0005	0,0005	0,0006	0,0006	0,0006	0,0004	0,0003	0,0002	0,0003	0,0003	0,0005	0,0005	0,0002	0,0004	
	049AR08	0,0002	0	0,0002	0,0003	0,0003	0,0002	0,0006	0,0004	0,0001	0,0004	0,0003	0,0003	0,0001	0,0001	0	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001	0	0,0002	0,0004	0,0004	0,0003	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001	0,0002	0,005	0,0004	0,0085	0,0483	
052AF	052AF01	0,4311	0,3985	0,4193	0,3763	0,4289	0,451	0,3969	0,5059	0,4738	0,5177	0,5064	0,613	0,3484	0,3357	0,4309	0,3324	0,5178	0,3711	0,4275	0,4114	0,4472	0,4526	0,7319	0,4008	0,367	0,6675	0,6075	0,2658	0,632	0,5406	0,6364	0,529	0,4649	
	052AF02	0,3202	0,2895	0,326	0,3685	0,3303	0,2987	0,369	0,2885	0,3117	0,285	0,2645	0,2512	0,3499	0,3566	0,2791	0,2819	0,2739	0,3278	0,2636	0,3478	0,3687	0,3451	0,1751	0,3376	0,3661	0,2062	0,2271	0,448	0,2249	0,2967	0,2351	0,2896	0,3329	
	052AF03	0,0453	0,0171	0,045	0,0551	0,0186	0,056	0,0539	0,0458	0,04	0,0448	0,0512	0,0269	0,089	0,0861	0,0939	0,1287	0,0527	0,0899	0,1253	0,0741	0,0363	0,0284	0,0219	0,0567	0,0659	0,0305	0,0401	0,0936	0,0333	0,0424	0,0352	0,081	0,0636	
	052AF04	0,0328	0,0988	0,0323	0,0581	0,0701	0,0519	0,0588	0,0218	0,0301	0,0379	0,0382	0,021	0,0547	0,0586	0,0754	0,0939	0,0446	0,058	0,0598	0,0501	0,0296	0,051	0,017	0,0476	0,0448	0,0222	0,0282	0,0348	0,0184	0,0238	0,0239	0,016	0,0187	
	052AF05	0,0217	0,0392	0,0218	0,0471	0,0341	0,0547	0,0374	0,0492	0,0561	0,0556	0,0631	0,0315	0,0346	0,0652	0,0373	0,0948	0,0322	0,0632	0,05	0,0211	0,0512	0,0462	0,0182	0,0688	0,0419	0,0297	0,0193	0,0279	0,0255	0,0364	0,0254	0,0284	0,0354	
	052AF06	0,0846	0,0446	0,0876	0,0339	0,0397	0,0335	0,0249	0,0378	0,0356	0,0138	0,0248	0,0206	0,061	0,0336	0,0506	0,0035	0,0441	0,0364	0,0289	0,0624	0,0197	0,0367	0,0143	0,0307	0,067	0,012	0,0529	0,0754	0,0333	0,0158	0,0136	0,0165	0,0361	
	052AF07	0,0296	0,0249	0,0224	0,0338	0,0269	0,0375	0,0222	0,0242	0,0172	0,0205	0,0126	0,0287	0,0292	0,0147	0,0176	0,017	0,012	0,0224	0,0204	0,0218	0,0222	0,0211	0,01	0,0246	0,0255	0,0137	0,0137	0,0358	0,0163	0,0196	0,0135	0,0205	0,0249	
	052AF08	0,0287	0,0088	0,0347	0,0227	0,0112	0,0272	0,0194	0,0289	0,0286	0,0278	0,0311	0,0199	0,0162	0,0307	0,0178	0,0467	0,0158	0,0307	0,024	0,0112	0,025	0,0183	0,0116	0,0327	0,0216	0,0179	0,0089	0,0187	0,0159	0,0242	0,0164	0,0188	0,0232	
	052AF09	0,0042	0,0577	0,0082	0,0033	0,0294	0	0,0012	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	052AF10	0,0005	0,0005	0,0006	0,0003	0,0014	0,0031	0,0004	0	0,0003	0,0004	0,0003	0,0175	0,0044	0,0004	0,0006	0,0018	0,0004	0,0004	0,0004	0	0,0002	0,0005	0,0001	0,0004	0,0001	0,0004	0	0	0	0,0004	0,0005	0,0005	0	0,0004
052AR	052AF11	0,0014	0,0204	0,0021	0,0008	0,0094	0	0,0006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	052AR01	0,362	0,3286	0,3748	0,3469	0,3712	0,4061	0,3566	0,471	0,4254	0,461	0,4633	0,589	0,3298	0,2982	0,3817	0,2954	0,5004	0,3341	0,3666	0,3648	0,4158	0,3263	0,6944	0,3473	0,3201	0,6427	0,5455	0,2472	0,6009	0,5118	0,6043	0,4972	0,4162	
	052AR02	0,1525	0,2566	0,137	0,2762	0,2368	0,2391	0,2509	0,1829	0,2462	0,2253	0,1947	0,1589	0,2959	0,2576	0,3364	0,4573	0,2294	0,3389	0,3341	0,2865	0,2097	0,2603	0,1057	0,3099	0,2677	0,1524	0,1613	0,3019	0,1627	0,1931	0,1539	0,1752	0,1836	
	052AR03	0,218	0,1255	0,2342	0,1368	0,1374	0,1606	0,1397	0,1307	0,119	0,1568	0,1713	0,1269	0,1661</																					

	Ⓓ	Ⓒ	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	①	②	③	④
Marker	haplotype	Ador	Acer1.1	GRES.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD201	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2	
143AF	105AR10	0,0005	0,0017	0,0013	0,0015	0,0029	0	0,0003	0,0002	0,0003	0	0,0003	0,0002	0	0,0002	0	0,0002	0,0006	0,1156	0,0346	0,0002	0,0834	0,0006	0,0003	0,0003	0,0002	0	0,0001	0	0,0002	0,0001	0,0002	0,0002		
	143AF01	0,8	0,0051	0,8315	0,7141	0,7672	0,7057	0,7513	0,6471	0,001	0,6805	0,6785	0,6764	0,6915	0,6483	0,7384	0,3309	0,7202	0,7025	0,63	0,6976	0,6806	0,7232	0,6983	0,7071	0,7302	0,0063	0,7062	0,6029	0,6736	0,7333	0,6793	0,8258	0,7768	
	143AF02	0,0542	0,0482	0,0353	0,1057	0,068	0,1076	0,0938	0,1481	0,124	0,1236	0,1251	0,1343	0,0951	0,123	0,0215	0,062	0,0226	0,0596	0,0537	0,1169	0,1243	0,1094	0,1223	0,1094	0,0971	0,1303	0,0904	0,1023	0,1141	0,0935	0,0917	0,0497	0,0604	
	143AF03	0,0583	0,0596	0,0679	0,0525	0,0559	0,0363	0,0614	0,0356	0,0344	0,0475	0,0428	0,1374	0,0596	0,0469	0,0488	0,0277	0,0557	0,0507	0,058	0,0539	0,0446	0,0468	0,0376	0,0482	0,066	0,0447	0,0433	0,0463	0,0359	0,0535	0,0416	0,06	0,0637	
	143AF04	0,025	0,0241	0,019	0,0414	0,0334	0,0326	0,03	0,0366	0,0348	0,0397	0,0399	0,0311	0,0395	0,0468	0,0131	0,0264	0,0197	0,0286	0,0273	0,0397	0,0368	0,0374	0,0334	0,039	0,0364	0,039	0,0372	0,0412	0,0396	0,0352	0,0314	0,0254	0,0297	
	143AF05	0,0042	0,0076	0,0245	0,02	0,0178	0,0284	0,0114	0,0403	0,0274	0,0403	0,0377	0,0334	0,0345	0,0384	0,0225	0,0603	0,0232	0,036	0,0525	0,0302	0,0391	0,0246	0,0328	0,0339	0,0255	0,0351	0,0391	0,0415	0,0425	0,0238	0,0356	0,0104	0,0142	
	143AF06	0,025	0,0171	0,0163	0,0296	0,021	0,0363	0,0229	0,0593	0,0552	0,0265	0,0362	0,0534	0,0322	0,038	0,0374	0,0984	0,0426	0,0512	0,0753	0,0119	0,0147	0,0111	0,0148	0,0124	0,0107	0,024	0,0212	0,0297	0,0196	0,0106	0,0353	0,0031	0,0055	
	143AF07	0,0167	0,0087	0	0,0163	0,0141	0,0218	0,0129	0,015	0,0106	0,0177	0,014	0,0156	0,0182	0,0237	0,0889	0,3102	0,0865	0,0379	0,0525	0,0125	0,0154	0,0099	0,0107	0,0108	0,0092	0,0138	0,0089	0,0136	0,011	0,0072	0,0332	0,0031	0,0059	
	143AF08	0,0167	0,0163	0,0054	0,016	0,0195	0,029	0,0141	0,0157	0,011	0,0088	0,0103	0,0153	0,0263	0,0324	0,0249	0,083	0,0265	0,0236	0,0372	0,0047	0,0053	0,0029	0,0057	0,0047	0,0042	0,008	0,0094	0,0124	0,0061	0,0028	0,0156	0,0014	0,0023	
	143AF09	0	0,0003	0	0,0003	0,0002	0,0006	0,0002	0	0,0004	0,011	0,0128	0	0,0004	0,0003	0	0	0,0001	0,0059	0,0102	0,0281	0,0361	0,0275	0,0422	0,0314	0,0179	0,0338	0,024	0,013	0,037	0,0294	0,0338	0,0089	0,0089	
143AF10	0	0,0011	0	0,0027	0,0019	0	0,0015	0,001	0,0016	0,0022	0,0019	0,0015	0,0023	0,0014	0,0024	0,0002	0,0013	0,0025	0,0027	0,0034	0,0018	0,0035	0,0013	0,0022	0,0017	0,0024	0,0009	0,0022	0,0011	0,0097	0,0015	0,0104	0,031		
143AF11	0	0,0014	0	0,0014	0,001	0,0018	0,0005	0,0012	0,0004	0,0022	0,0008	0,0015	0,0005	0,0006	0,0021	0,0007	0,0016	0,0015	0,0007	0,001	0,0014	0,0035	0,0017	0,001	0,0012	0,0015	0,0193	0,095	0,0196	0,0009	0,001	0,0019	0,0015		
143AR	143AR01	0,3613	0,2801	0,3922	0,4375	0,38	0,5304	0,3973	0,562	0,5377	0,531	0,5537	0,5531	0,4531	0,5583	0,4213	0,411	0,3757	0,5083	0,5829	0,5356	0,5377	0,5012	0,5358	0,5122	0,4453	0,5488	0,5054	0,4884	0,5353	0,4658	0,5462	0,2262	0,3206	
	143AR02	0,4922	0,6096	0,4865	0,4474	0,5088	0,371	0,4826	0,351	0,3605	0,3628	0,3422	0,3404	0,4477	0,3501	0,4622	0,1472	0,4644	0,3942	0,3294	0,3659	0,3577	0,3814	0,3659	0,3859	0,45	0,348	0,377	0,4193	0,3627	0,4178	0,3514	0,6282	0,5694	
	143AR03	0,084	0,0798	0,0711	0,069	0,0724	0,0531	0,0732	0,0499	0,0555	0,0619	0,0608	0,063	0,0538	0,0488	0,0447	0,0229	0,0648	0,0525	0,0466	0,0578	0,0604	0,0682	0,0637	0,0593	0,0629	0,0593	0,0649	0,0569	0,0591	0,0709	0,0573	0,078	0,0723	
	143AR04	0,002	0,0003	0	0,0004	0,0004	0,001	0,0007	0,0005	0,0006	0,0005	0,0004	0,0007	0,0002	0,0008	0,0519	0,3958	0,0619	0,0007	0,0008	0,0004	0,0007	0,0012	0,0004	0,0005	0,0007	0,001	0,0007	0,0005	0,0006	0,0006	0,0007	0,0006	0,0004	
	143AR05	0,0156	0,0102	0,0135	0,0171	0,0152	0,0179	0,014	0,0124	0,0107	0,0189	0,0165	0,0173	0,0194	0,0204	0,0098	0,0167	0,0146	0,0227	0,0234	0,0027	0,0196	0,0205	0,0187	0,0183	0,0179	0,02	0,0246	0,0178	0,0182	0,0166	0,0211	0,0082	0,0132	
	143AR06	0,0254	0,0086	0,0086	0,0148	0,0082	0,0184	0,0164	0,0165	0,0199	0,0157	0,0186	0,0168	0,0091	0,0111	0,0017	0,0029	0,0059	0,0106	0,0068	0,0105	0,0155	0,0126	0,0158	0,0127	0,0071	0,0145	0,0168	0,0063	0,0152	0,0128	0,0144	0,0064	0,0055	
	143AR07	0,0176	0,0102	0,027	0,0125	0,0123	0,0072	0,0145	0,0072	0,0077	0,0079	0,0069	0,0072	0,0152	0,009	0,0078	0,0029	0,0116	0,0099	0,0094	0,0008	0,0073	0,013	0,0076	0,0103	0,0152	0,0109	0,0105	0,0092	0,0083	0,0109	0,0081	0,0174	0,0144	
	143AR08	0,002	0,0013	0,0012	0,0013	0,0026	0,001	0,0013	0,0005	0,001	0,0014	0,0007	0,0015	0,0014	0,0015	0,0006	0,0006	0,0011	0,0011	0,0008	0,0005	0,0012	0,002	0,0012	0,0008	0,0011	0,0005	0	0,0015	0,0007	0,0047	0,0007	0,0351	0,0043	
	149AF01	0,1837	0,7457	0,4851	0,4854	0,5654	0,5989	0,4677	0,6038	0,5087	0,534	0,5156	0,5546	0,5452	0,5646	0,5211	0,5978	0,5261	0,467	0,4463	0,4984	0,5737	0,502	0,5932	0,4695	0,471	0,4918	0,5934	0,6103	0,5684	0,3894	0,4438	0,3418	0,4574	
	149AF02	0,0351	0,0607	0,1014	0,1629	0,1299	0,154	0,1598	0,144	0,1564	0,1733	0,174	0,1591	0,2114	0,1505	0,1616	0,1235	0,1301	0,1545	0,1991	0,1692	0,1453	0,2275	0,1577	0,2193	0,2933	0,1978	0,1973	0,1566	0,2332	0,2518	0,1961	0,1877	0,204	
149AF03	0,0768	0,0339	0,2084	0,1562	0,1545	0,1287	0,157	0,0974	0,1298	0,1521	0,1396	0,1193	0,0938	0,1202	0,1858	0,2513	0,2156	0,268	0,2927	0,1755	0,1194	0,1701	0,1678	0,1551	0,1213	0,1359	0,0829	0,1021	0,087	0,1842	0,158	0,3601	0,2704		
149AF04	0,0391	0,0205	0,0913	0,1172	0,0626	0,0976	0,1258	0,0978	0,1098	0,083	0,116	0,1076	0,0772	0,0989	0,0597	0,0127	0,0827	0,0529	0,0136	0,0888	0,0947	0,055	0,0227	0,1024	0,0666	0,1436	0,0919	0,1219	0,0671	0,1077	0,104	0,0202	0,0217		
149AF05	0,015	0,1309	0,0321	0,0747	0,0845	0,0192	0,0558	0,0942	0,0524	0,0537	0,058	0,0712	0,0645	0,0702	0,013	0,0442	0,0564	0,0669	0,0669	0,0656	0,0441	0,0573	0,0525	0,0464	0,0477	0,0331	0,0077	0,0432	0,0645	0,097	0,0623	0,0432			
149AF06	0,2394	0,0018	0	0	0	0	0,0016	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
149AF07	0,2106	0,001	0	0	0	0	0,0014	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
149AF08	0,0006	0,0019	0,0012	0,0012	0,0013	0,0014	0,0012	0,0011	0,0009	0,001	0,0009	0,0011	0,0012	0,0012	0,0012	0,0011	0,001	0,0009	0,0009	0,001	0,0011	0,0012	0,0011	0,0009	0,0012	0,0011	0,001	0,0013	0,001	0,002	0,0008	0,0273	0,0031		
149AF09	0,1057	0,0014	0	0	0	0	0,0012	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
149AF10	0,0171	0,0008	0,0488	0,0017	0,0012	0,0002	0,0012	0,0001	0	0,0002	0,0001	0,0003	0	0,0002	0,0004	0,0005	0,0003	0,0003	0,0005	0,0002	0,0001	0,0002	0,0002	0,0003	0,0001	0,0001	0,0004	0,0001	0,0001	0,0003	0,0003	0,0006	0,0002		
149AF11	0,0663	0,0006	0	0	0	0	0,0004	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
149AF12	0,0108	0,0009	0,0318	0,0008	0,0007	0	0,0006	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
149AR	149AR01	0,0897	0,6514	0,2012	0,2316	0,3891	0,229	0,2246	0,2321	0,2292	0,2336	0,237	0,2413	0,2408	0,2389	0,1734	0,164	0,1535	0,1579	0,1666	0,1967	0,2243	0,2559	0,198	0,2514	0,3177	0,2387	0,2372	0,1846	0,2883	0,2903	0,1943	0,1879	0,2142	
	149AR02	0,0999	0,0351	0,2586	0,2062	0,179	0,2477	0,2011	0,2051	0,155	0,2173	0,2005	0,2009	0,2276	0,2635	0,2313	0,315	0,2289	0,1981	0,2592	0,1962	0,1794	0,1303	0,2069	0,										

Marker	haplotype	D	C	①	②	③	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	①	②	③	④
		Ador	Acer1.1	GRE5.6	CAR2.1	POR	RUN0065	RUN0067	RUN0109	RUN0281	RUN1041	RUN1050	RUN1132	RUN1232	RUN1578	MU0111	MU0251	MU0401	ROD001	ROD200	COM11	COM12	COM18	COM28	COM59	COM72	MAY35	SEY059	SEY141	SEY144	ISM03	ISM04	MAD26.1	MAD30.2						
	174AF09	0,0251	0,0053	0,0288	0,0166	0,0124	0,0104	0,0154	0,0127	0,0141	0,0172	0,0052	0,0151	0,0056	0,0086	0,0013	0,0067	0,0055	0,0042	0,0031	0,0272	0,0188	0,0257	0,0208	0,021	0,0383	0,0216	0,0137	0,0064	0,0156	0,0232	0,0144	0,0715	0,016						
	174AF10	0,0058	0,0142	0,0129	0,0158	0,0226	0,0122	0,0132	0,0103	0,0107	0,0134	0,0131	0,0103	0,0127	0,0113	0,018	0,0156	0,0221	0,0272	0,031	0,015	0,0119	0,0124	0,0094	0,0123	0,0065	0,0119	0,012	0,0227	0,0136	0,0161	0,0193	0,0102	0,0291						
	174AF11	0,0067	0,0164	0,01	0,0117	0,0092	0,0252	0,0124	0,0154	0,0159	0,0187	0,0205	0,0231	0,0236	0,0247	0,0032	0,0208	0,0091	0,0043	0,0046	0,0057	0,0195	0,018	0,0153	0,0228	0,0091	0,0186	0,0171	0,0081	0,0083	0,0079	0,0137	0,0074	0,0033						
	174AF12	0,01	0,0147	0,0082	0,011	0,0112	0,024	0,0095	0,0146	0,0162	0,014	0,0029	0,0172	0,0172	0,0175	0,0034	0,0132	0,0089	0,0065	0,0052	0,0081	0,0169	0,0135	0,0137	0,0136	0,0041	0,0109	0,0107	0,0053	0,0079	0,0091	0,0096	0,035	0,006						
	174AF13	0,0075	0,0007	0,0082	0,003	0,0021	0,0237	0,0025	0,0141	0,0204	0,0358	0,0767	0,0151	0,0097	0,0154	0,001	0,0046	0,0033	0,0014	0,0009	0,0015	0,0049	0,0057	0,0025	0,0038	0,0302	0,0186	0,0053	0,0012	0,0026	0,0029	0,0011	0,0109	0,0018						
	174AF14	0,0443	0,2062	0,0417	0,0298	0,0948	0	0,0355	0,0001	0	0	0	0	0,0001	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0					
	174AF15	0,0042	0,0008	0,0053	0,0092	0,0037	0,0073	0,0062	0,0031	0,0062	0,0084	0,0161	0,0103	0,0039	0,0053	0,0019	0,0081	0,0031	0,0032	0,0031	0,0072	0,0192	0,0236	0,013	0,0202	0,0932	0,0138	0,0196	0,0026	0,0068	0,0087	0,0073	0,0329	0,005						
	174AF16	0,0042	0,0009	0,0041	0,008	0,0023	0,011	0,0068	0,0081	0,0104	0,0144	0,0225	0,0103	0,006	0,0084	0,0008	0,0057	0,0053	0,0025	0,0016	0,0036	0,0089	0,0129	0,0083	0,0148	0,0292	0,012	0,0055	0,0029	0,0042	0,005	0,0054	0,0141	0,0022						
	174AF17	0,0276	0,09	0,0317	0,0198	0,0415	0,0015	0,0272	0,0014	0,0016	0,0012	0,0002	0,0013	0,0016	0,0018	0,0149	0,0126	0,0075	0,0145	0,014	0,001	0,0005	0,0004	0,0004	0,0004	0,0012	0,0007	0,0004	0,0014	0,0007	0,0002	0,0046	0,0008	0,001						
	174AF18	0,0067	0,0013	0,0029	0,0004	0,0017	0,0037	0,0014	0,0038	0,0059	0,0054	0,005	0,0056	0,002	0,0042	0,0044	0,0232	0,007	0,0114	0,0118	0,0022	0,001	0,0026	0,0013	0,0008	0,0014	0,003	0,0035	0,0015	0,0001	0,0031	0,0014	0,0004							
	174AF19	0,0033	0,0214	0,0053	0,0044	0,0097	0,0009	0,0057	0,0012	0,0007	0,0012	0,0002	0,0011	0,0006	0,0013	0,0013	0,0022	0,0021	0,0035	0,0023	0,0015	0,0039	0,0008	0,0009	0,0007	0,0002	0,0009	0,0004	0	0,0002	0,0004	0,0015	0,0014	0,001						
	174AF20	0,0125	0,0062	0,0071	0,0154	0,004	0,0008	0,0288	0,0003	0,0002	0,0003	0,0002	0,0005	0,0009	0,0001	0,0005	0,0005	0,0006	0,0001	0,0004	0,0005	0,0006	0,0005	0,0009	0,0002	0,0002	0,0006	0,0004	0	0,0004	0,0006	0,0005	0,001	0,001						
	174AF21	0,0008	0,0005	0,0006	0,0001	0,0004	0,0006	0,0005	0,0004	0,0004	0,0005	0,0009	0,0007	0,0004	0,0004	0,001	0,0004	0,0009	0,0011	0,0005	0,0004	0,0005	0,0005	0,0006	0,0006	0,0007	0,0008	0,0497	0,0108	0,0004	0,0003	0,0011	0,0012							
174AR	174AR01	0,4067	0,5308	0,4181	0,4458	0,4334	0,4067	0,4473	0,4392	0,4506	0,4348	0,4524	0,4537	0,3464	0,4516	0,3446	0,4205	0,3198	0,437	0,533	0,4249	0,4495	0,4521	0,4556	0,46	0,5122	0,4595	0,4318	0,3925	0,4604	0,3897	0,4551	0,2319	0,242						
	174AR02	0,1483	0,2481	0,1902	0,2749	0,3528	0,3827	0,2325	0,3725	0,3609	0,3589	0,349	0,3678	0,3539	0,3788	0,4603	0,3917	0,5264	0,4045	0,3426	0,3317	0,36	0,3552	0,3604	0,3629	0,0886	0,3629	0,3839	0,4416	0,3688	0,3489	0,3922	0,238	0,4084						
	174AR03	0,3598	0,0482	0,331	0,2278	0,1188	0,1965	0,2427	0,1806	0,1802	0,1977	0,188	0,1692	0,1104	0,1604	0,1843	0,1758	0,1408	0,149	0,1184	0,226	0,1808	0,1819	0,175	0,1682	0,3785	0,1675	0,1726	0,1558	0,1608	0,2104	0,1453	0,4913	0,1939						
	174AR04	0,0852	0,1721	0,0607	0,0509	0,0945	0,0141	0,0768	0,007	0,0071	0,008	0,0095	0,0084	0,0064	0,0087	0,0097	0,0096	0,0082	0,0088	0,0054	0,0169	0,0089	0,0103	0,0084	0,0079	0,0203	0,0092	0,0105	0,0097	0,0093	0,0116	0,0068	0,0251	0,01						
	174AR05	0	0,0006	0	0,0006	0,0002	0	0,0004	0,0005	0,001	0,0003	0,0007	0,0004	0,0006	0,0005	0	0,0005	0,0006	0,0007	0,0005	0,0005	0,0003	0,0004	0,0005	0,0007	0,0002	0,0004	0,0006	0,0002	0,0005	0,0223	0,0004	0,008	0,0881						
	174AR06	0	0,0002	0	0	0,0002	0	0,0003	0,0002	0,0002	0,0003	0,0004	0,0006	0,0004	0	0,001	0,0019	0,0042	0	0,0002	0	0,0005	0	0,0002	0,0002	0,0002	0,0005	0,0006	0,0002	0,0002	0,0172	0,0002	0,0056	0,0576						
185AF	185AF01	0,4476	0,1471	0,4501	0,4723	0,3295	0,5689	0,4216	0,6066	0,6843	0,5612	0,5763	0,6035	0,5107	0,5396	0,2021	0,4405	0,2564	0,3298	0,3494	0,56	0,5623	0,5263	0,5854	0,2521	0,4934	0,561	0,5571	0,545	0,568	0,5523	0,528	0,5063	0,5114						
	185AF02	0,1937	0,0661	0,192	0,2449	0,1318	0,2289	0,2635	0,229	0,1152	0,2459	0,2408	0,22	0,2335	0,1969	0,3368	0,2567	0,2503	0,1733	0,1607	0,2155	0,2411	0,2755	0,2291	0,5967	0,2741	0,2255	0,2326	0,2197	0,2288	0,2265	0,2165	0,2289	0,1998						
	185AF03	0,1571	0,1483	0,1767	0,138	0,1642	0,1395	0,1386	0,1228	0,1606	0,1364	0,1308	0,1312	0,168	0,1535	0,3296	0,2131	0,3439	0,365	0,3491	0,1577	0,1372	0,1302	0,1334	0,0562	0,1527	0,1504	0,147	0,1601	0,145	0,1574	0,1812	0,169	0,2048						
	185AF04	0,1126	0,5152	0,1167	0,0837	0,288	0,0211	0,1065	0,0157	0,0232	0,0234	0,0196	0,0185	0,0334	0,0282	0,0697	0,0462	0,0875	0,0878	0,0943	0,0291	0,0229	0,0244	0,0204	0,0106	0,0296	0,0277	0,025	0,0329	0,0251	0,0284	0,0394	0,0404	0,0427						
	185AF05	0,0497	0,0158	0,0338	0,0434	0,0229	0,0379	0,0478	0,0241	0,0139	0,0306	0,0301	0,0253	0,0501	0,0771	0,0507	0,0374	0,0477	0,0307	0,0317	0,0331	0,0341	0,0412	0,0293	0,0828	0,0461	0,0322	0,0362	0,0374	0,0295	0,031	0,0297	0,05	0,0344						
	185AF06	0,0393	0,1074	0,0307	0,0177	0,0637	0,0036	0,022	0,0018	0,0027	0,0026	0,0024	0,0015	0,0042	0,0047	0,0111	0,0061	0,0142	0,0135	0,0148	0,0046	0,0024	0,0024	0,0024	0,0016	0,0042	0,0032	0,0021	0,0048	0,0036	0,0044	0,0052	0,0054	0,0069						
185AR	185AR01	0,8193	0,7714	0,8076	0,8612	0,8252	0,8981	0,8513	0,9201	0,9052	0,8909	0,9007	0,9129	0,882	0,8859	0,8995	0,8899	0,8813	0,8754	0,8756	0,8857	0,8962	0,8879	0,9025	0,8944	0,8929	0,8955	0,8881	0,8704	0,8976	0,8637	0,9017	0,7115	0,7969						
	185AR02	0,0777	0,0668	0,0672	0,0733	0,068	0,0573	0,0774	0,0469	0,0552	0,0634	0,0613	0,052	0,0655	0,0636	0,0571	0,0653	0,0692	0,0688	0,0692	0,0667	0,0606	0,0648	0,0572	0,0581	0,0662	0,0624	0,0637	0,0681	0,0617	0,0647	0,0601	0,0504	0,0695						
	185AR03	0,0287	0,026	0,0394	0,0298	0,0268	0,0286	0,0316	0,0204	0,0243	0,029	0,023	0,0239	0,0317	0,0282	0,0263	0,0265	0,0293	0,0297	0,0292	0,0264	0,0251	0,0257	0,0222	0,0259	0,0274	0,0272	0,028	0,0261	0,0242	0,0232	0,0261	0,0265							
	185AR04	0,0186	0,0156	0,0209	0,0164	0,0177	0,0118	0,0195	0,0084	0,0095	0,0116	0,0103	0,0065	0,0166	0,0166	0,0116	0,0122	0,0128	0,0145	0,02	0,0158	0,0131	0,0157	0,0101	0,0152	0,0097	0,0099	0,0147	0,0281	0,0116	0,012	0,0103	0,0217	0,0221						
	185AR05	0,0372	0,114	0,0185	0,0124	0,0567	0	0,0128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
	185AR06	0	0,0003	0,0023	0,0009	0,0008	0,0007	0,0012	0,0011	0,0016	0,0003	0,0008	0,0013	0,0008	0,0019	0,0007	0,0011	0,001	0,0036	0,0013	0,0014	0,0011	0,0007	0,0011	0,0017	0,001	0,0008	0,0014	0,0014	0,0011	0,0122	0,0007	0,0109	0,034						
386AF	185AR07	0	0,0011	0	0,0001	0,0008	0,0007	0,0005	0,0006	0,0008	0,0012	0,0009	0,0004	0,0006	0,0004	0,0015	0,0006	0,0008	0,0022	0,0008																				

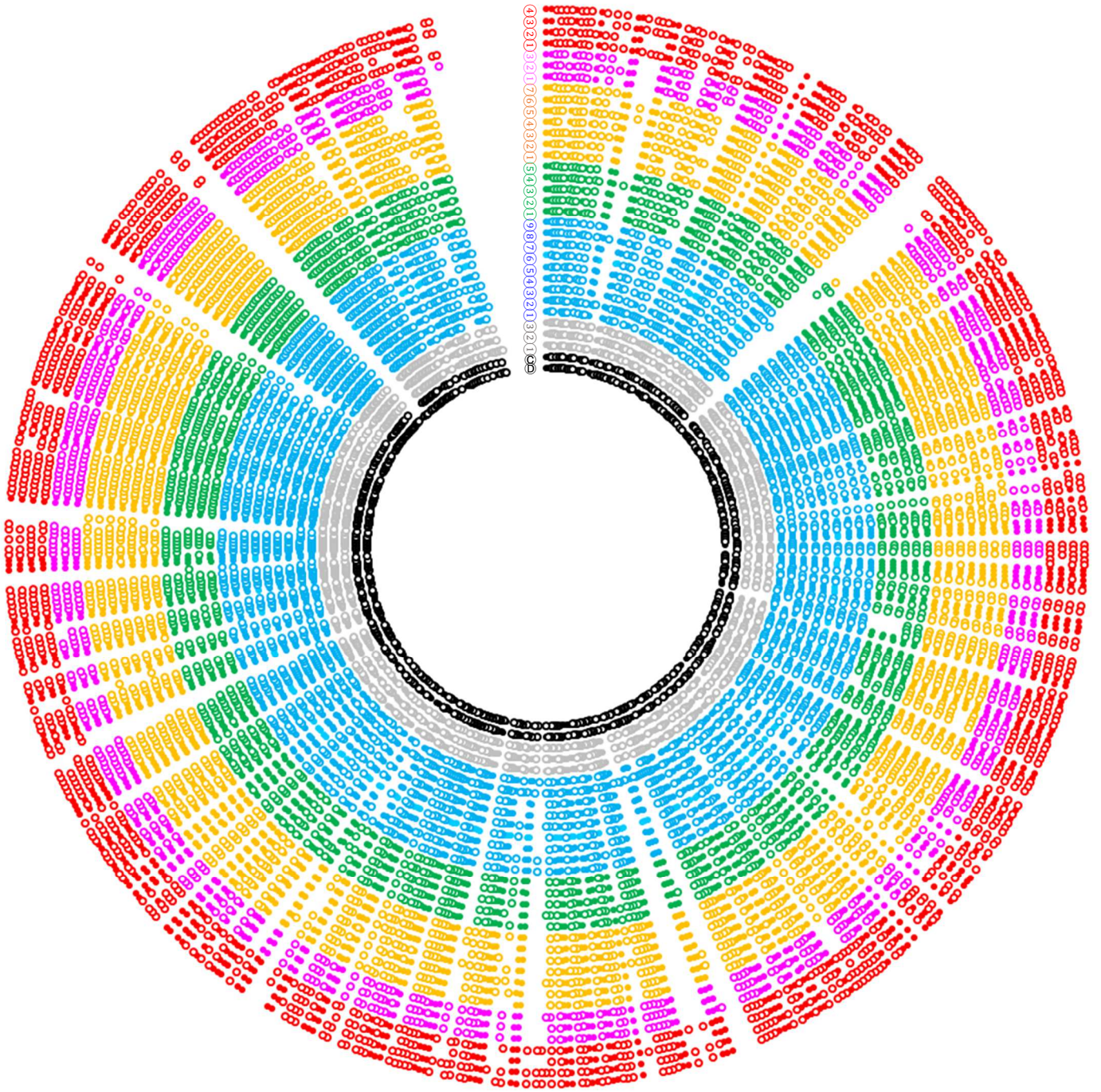
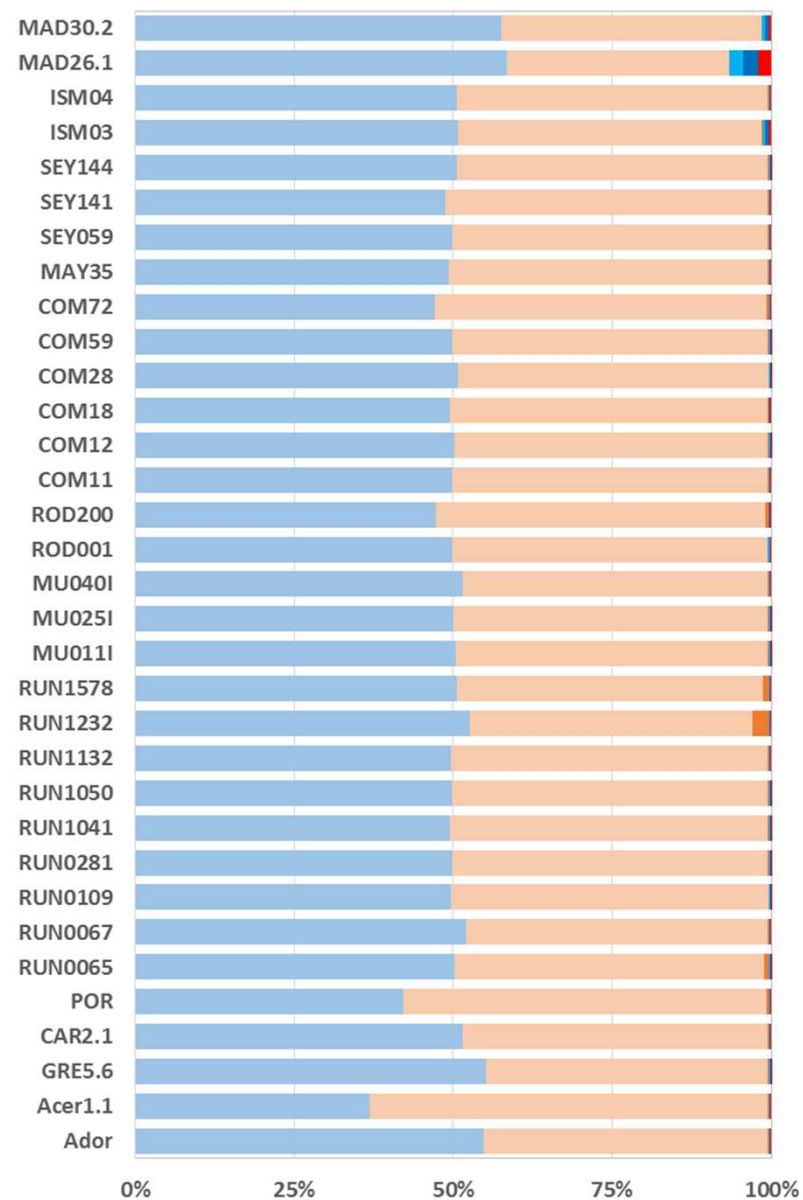


Figure S1. Presence of haplotype in isolates. From inside to outside are Asian host outgroup (ⒹⒸ), European outgroup (①②③), and isolates from La Reunion (①②③④⑤⑥⑦⑧⑨), Mauritius (①②③④⑤), Comoros (①②③④⑤⑥⑦), Seychelles (①②③), Madagascar (①②③④). Filled and empty dots indicate high (>0.12) or low (between 0.001 and 0.12) frequency in each isolate respectively. See Table 1 for isolate identity.

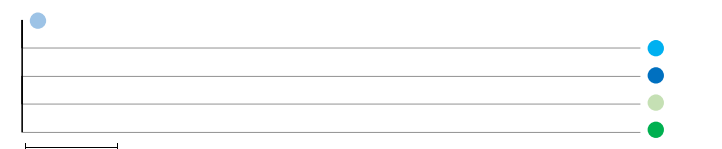
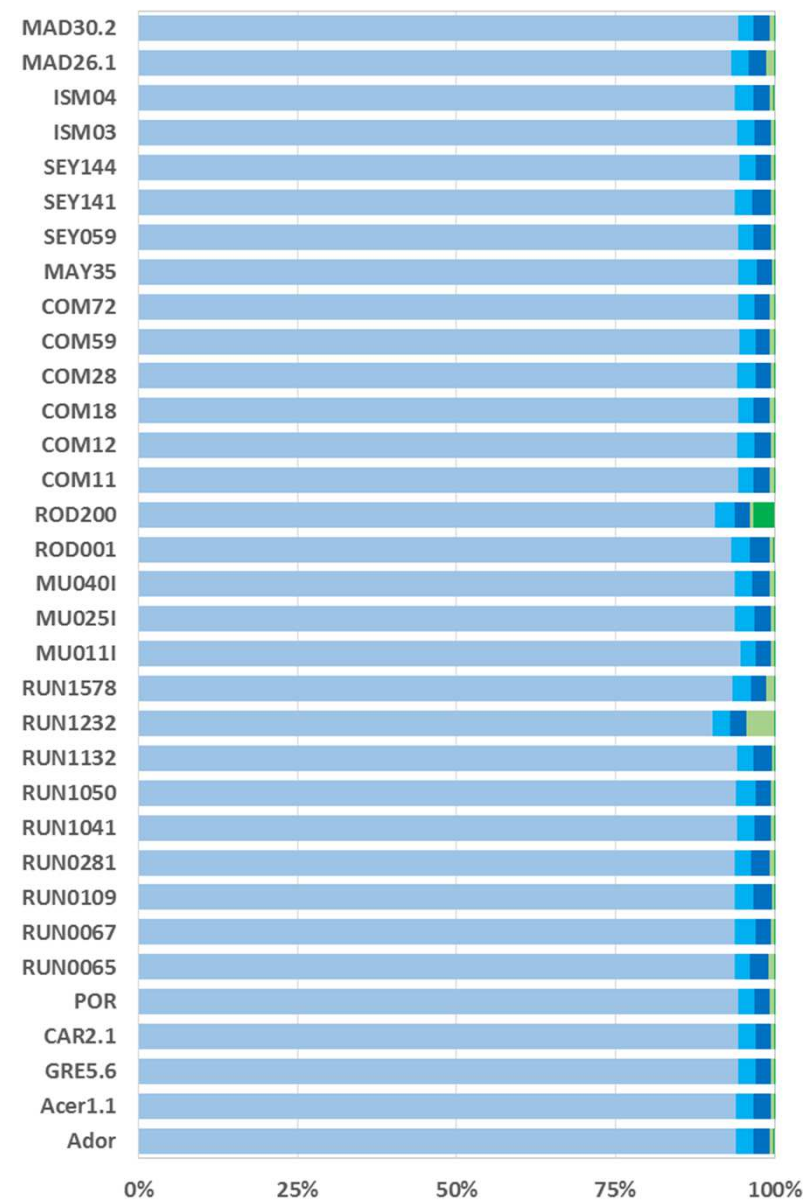
Following pages

Figure S2. Haplotypes distribution in the isolates. Each marker, with forward (F) and reverse (R) side of the *locus*, was considered separately. The type of marker is indicated in parenthesis (CR: coding region, NC: non-coding region, MS: microsatellite). The top histograms represent the haplotype composition of the indicated marker in every isolate (indicated on the left). The bottom tree indicate the evolutionary relationships of haplotypes inferred by the Neighbor-Joining method computed using *p*-distances. “del” indicates the presence of a deletion. The numbers of putative motive repeats are indicated for microsatellites and other markers. The scale bars represent a *p*-distance of 0.001. Trees were poorly supported by bootstrap analyses. Each haplotype was represented by the same color in both figures.

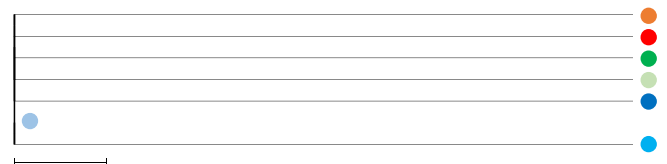
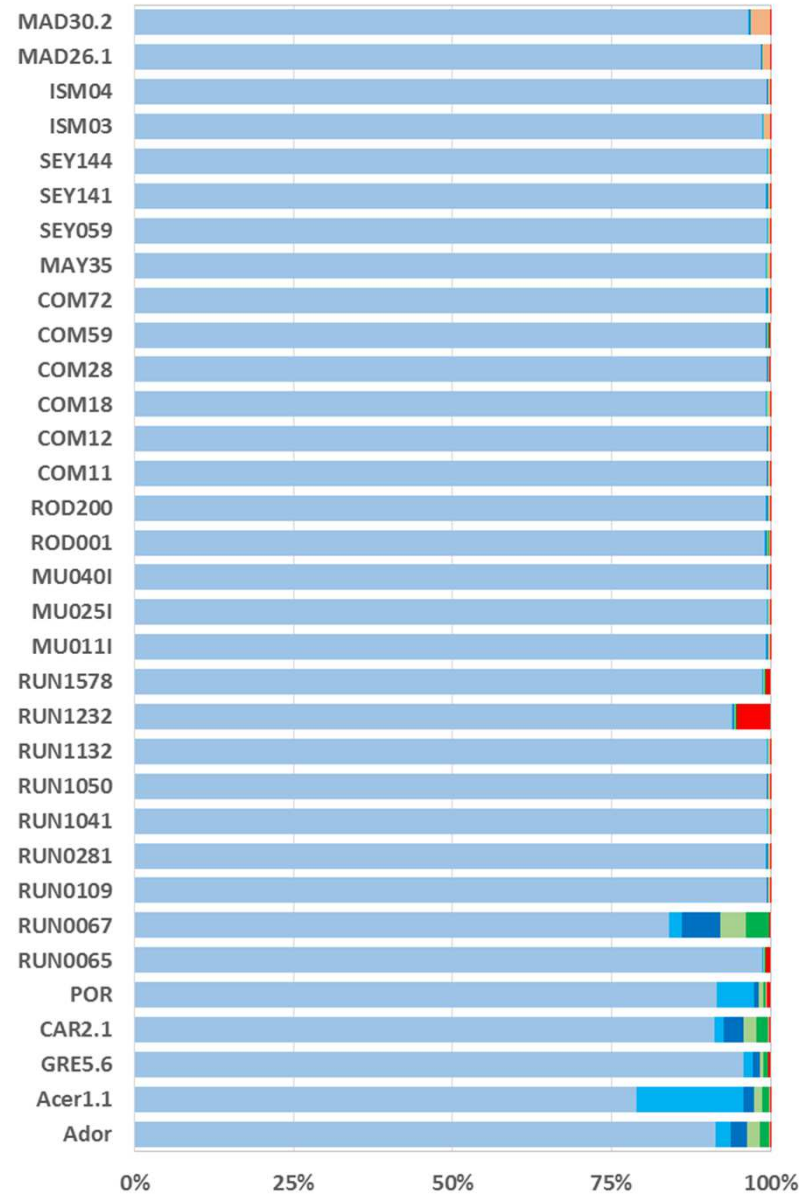
001AF (CR, translation elongation factor EF-2)



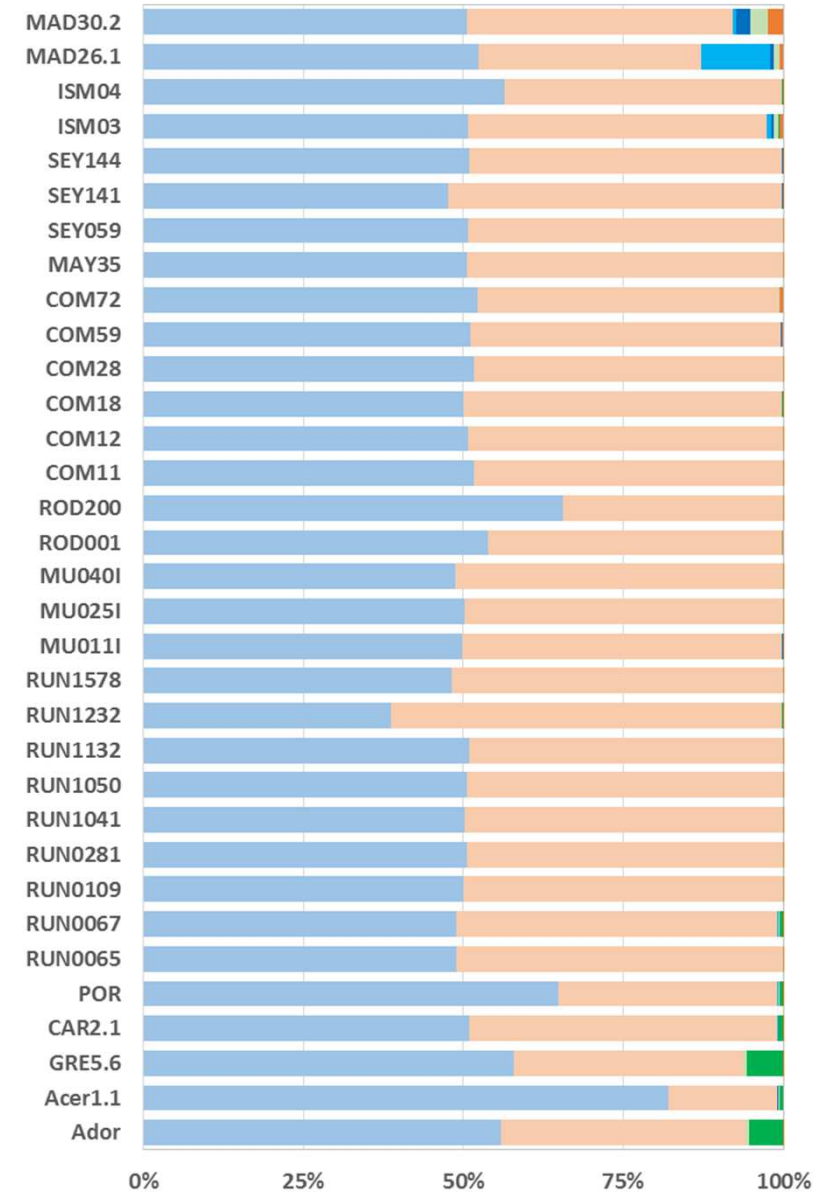
001AR (CR, translation elongation factor EF-2)



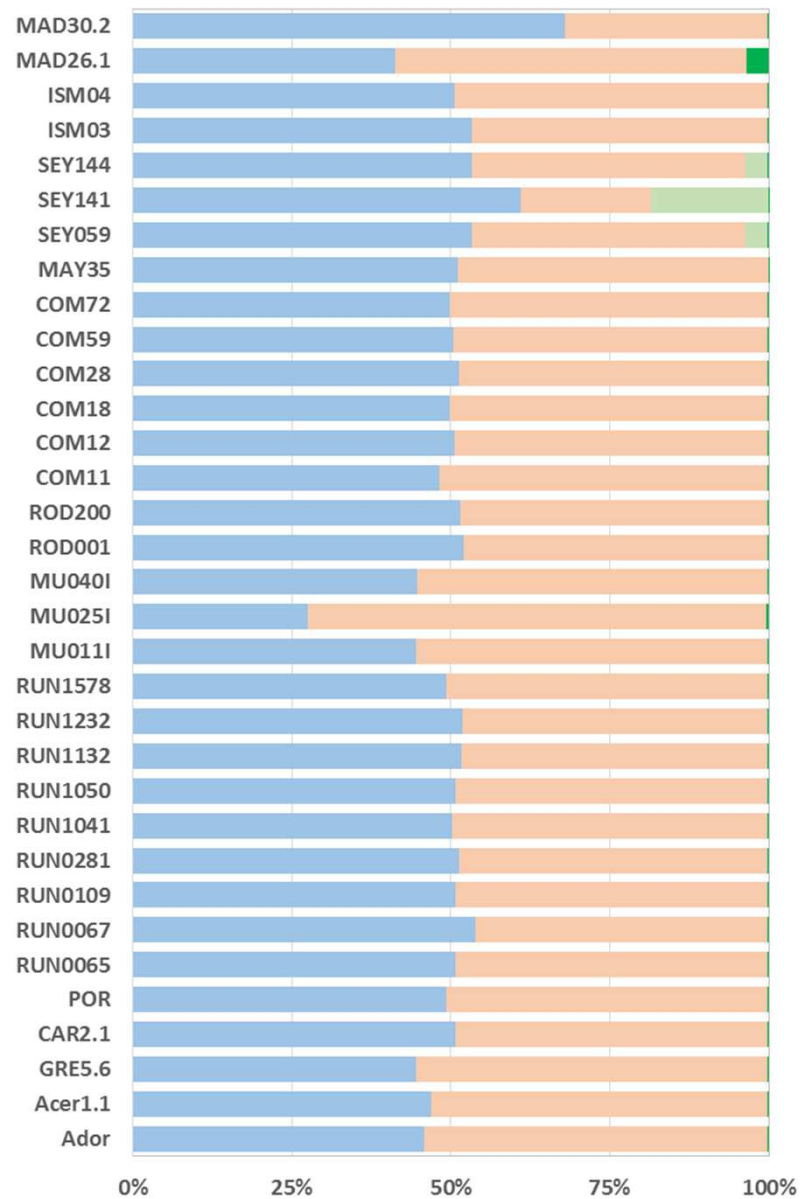
001BF (CR, polar tube protein PTP3)



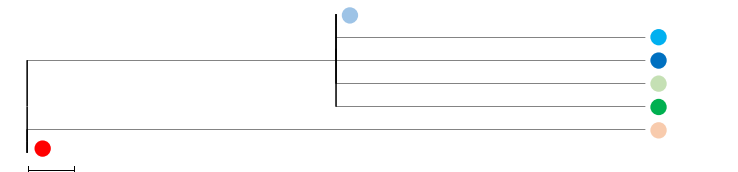
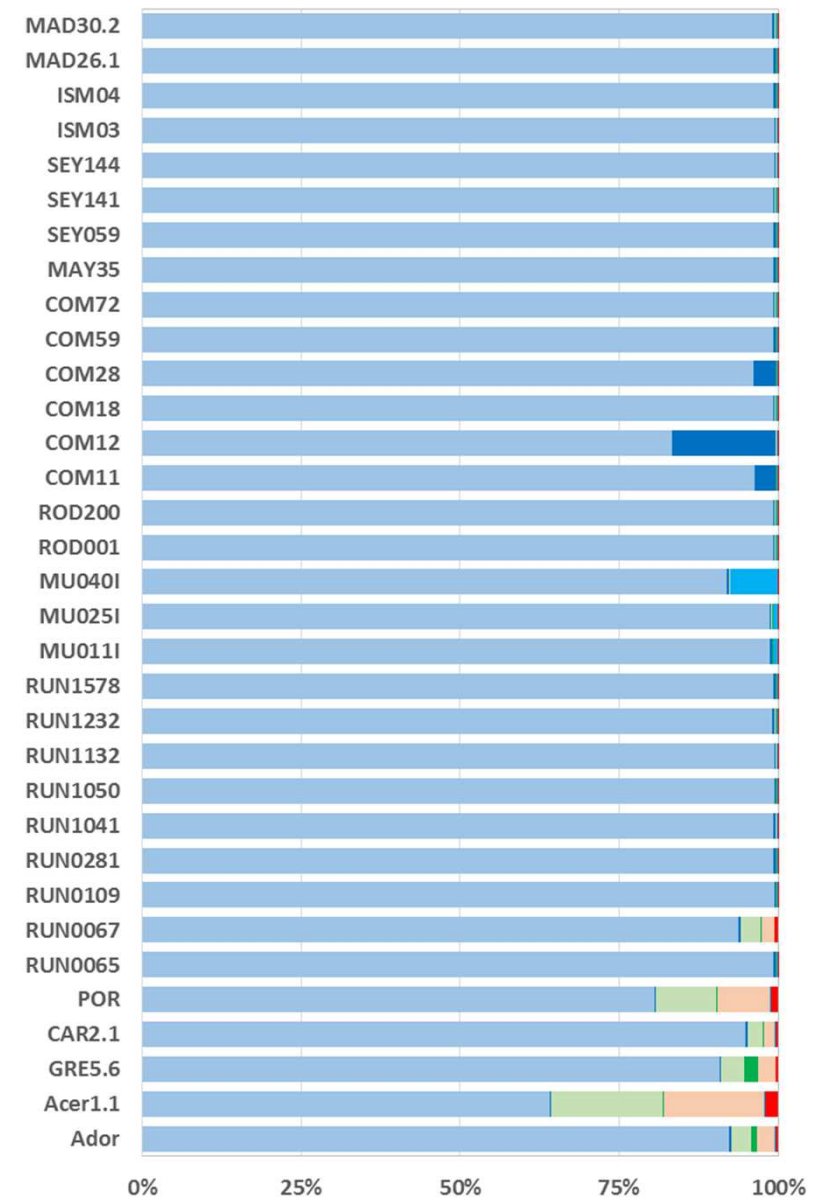
001BR (CR, polar tube protein PTP3)



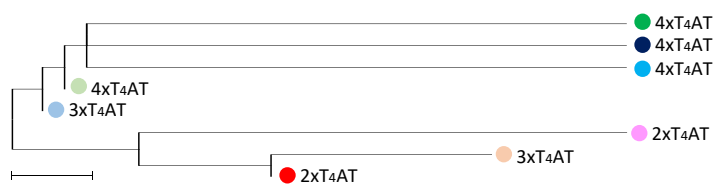
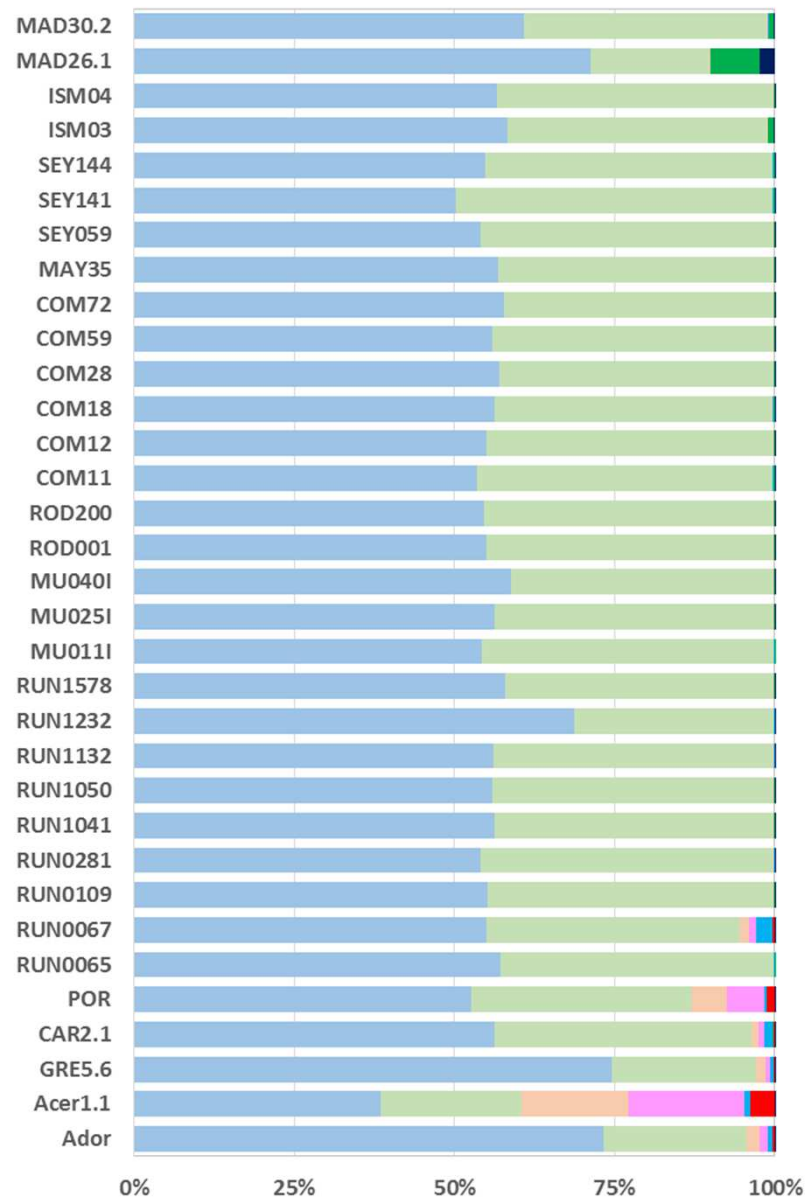
001CF (CR, translation initiation factor EIF2a)



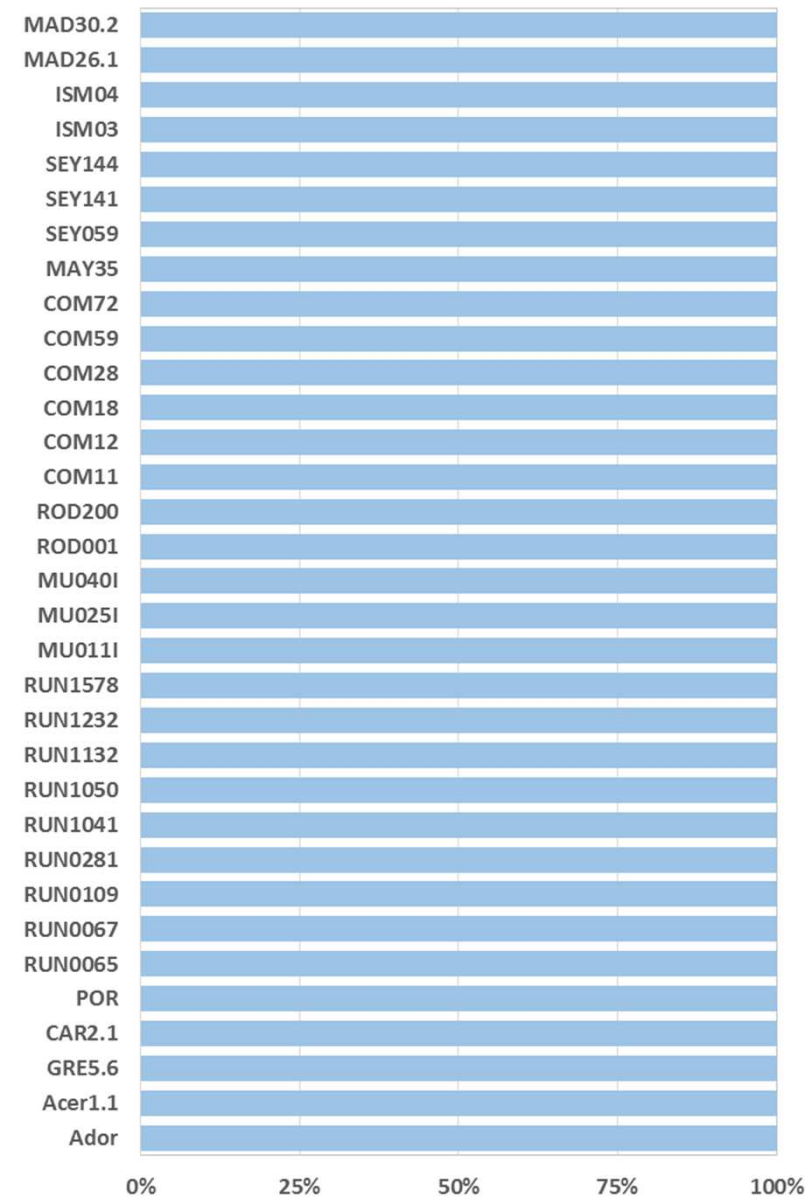
001CR (CR, translation initiation factor EIF2a)



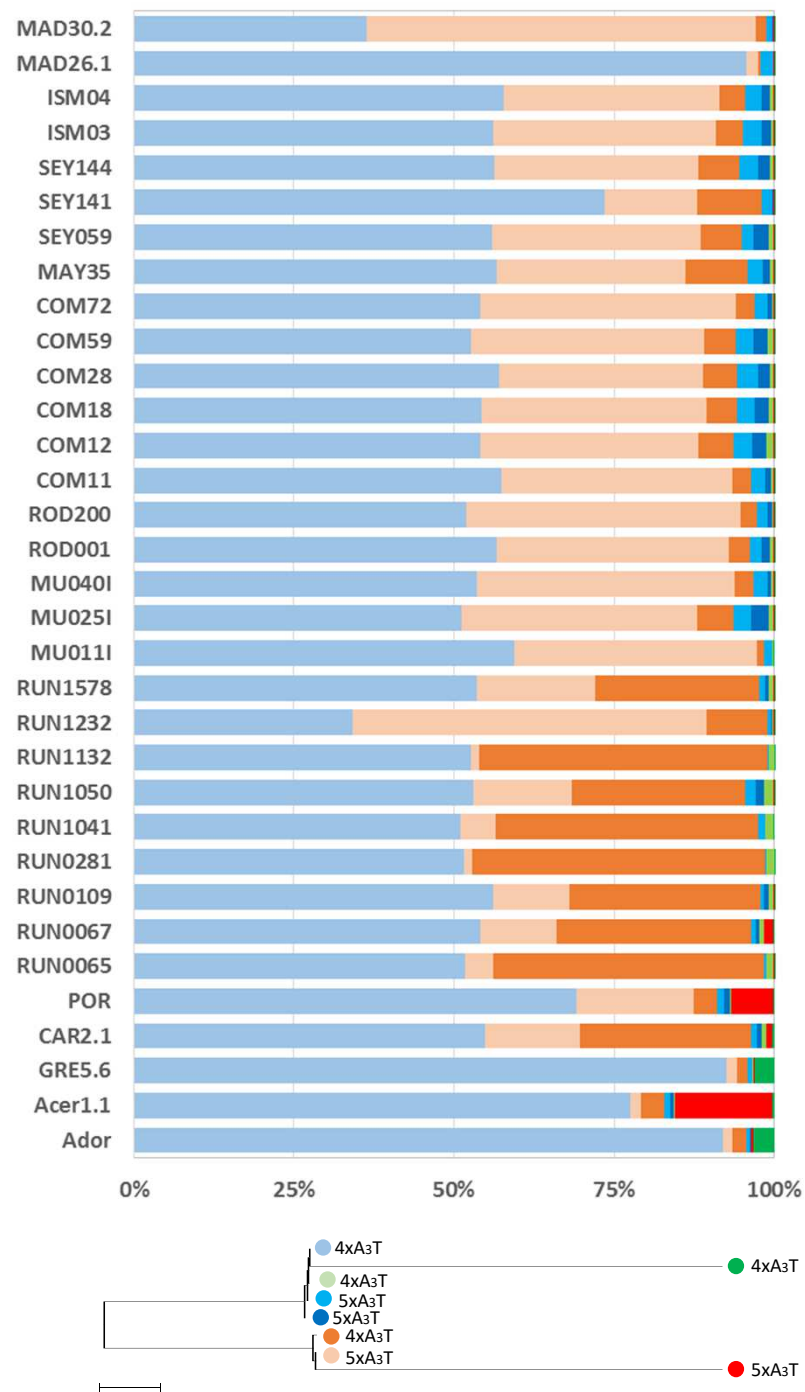
001DF (MS)



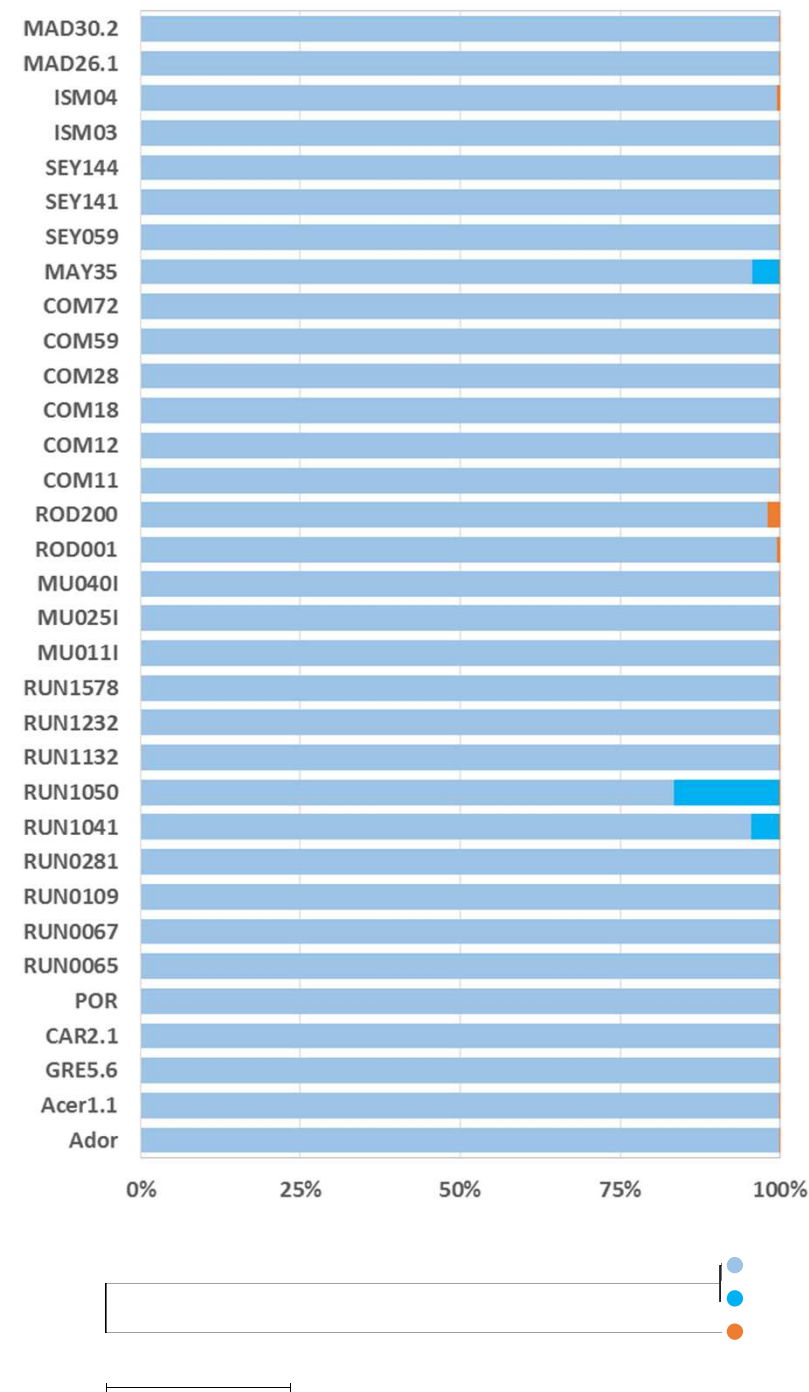
001DR (CR, ORF AAJ76_100020621)



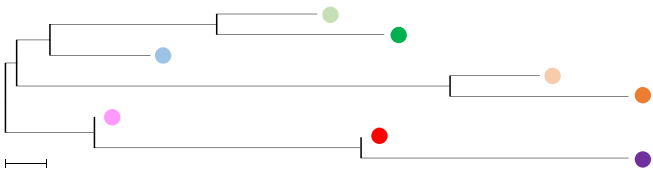
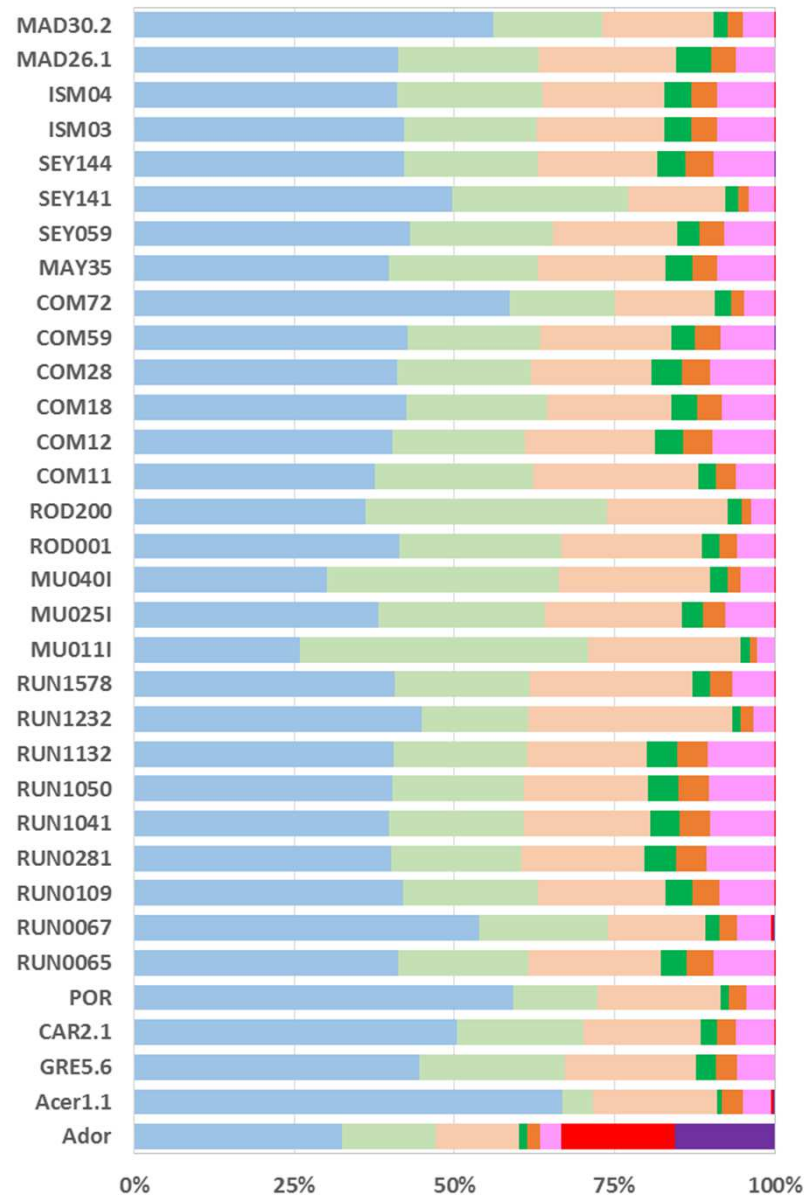
001EF (MS)



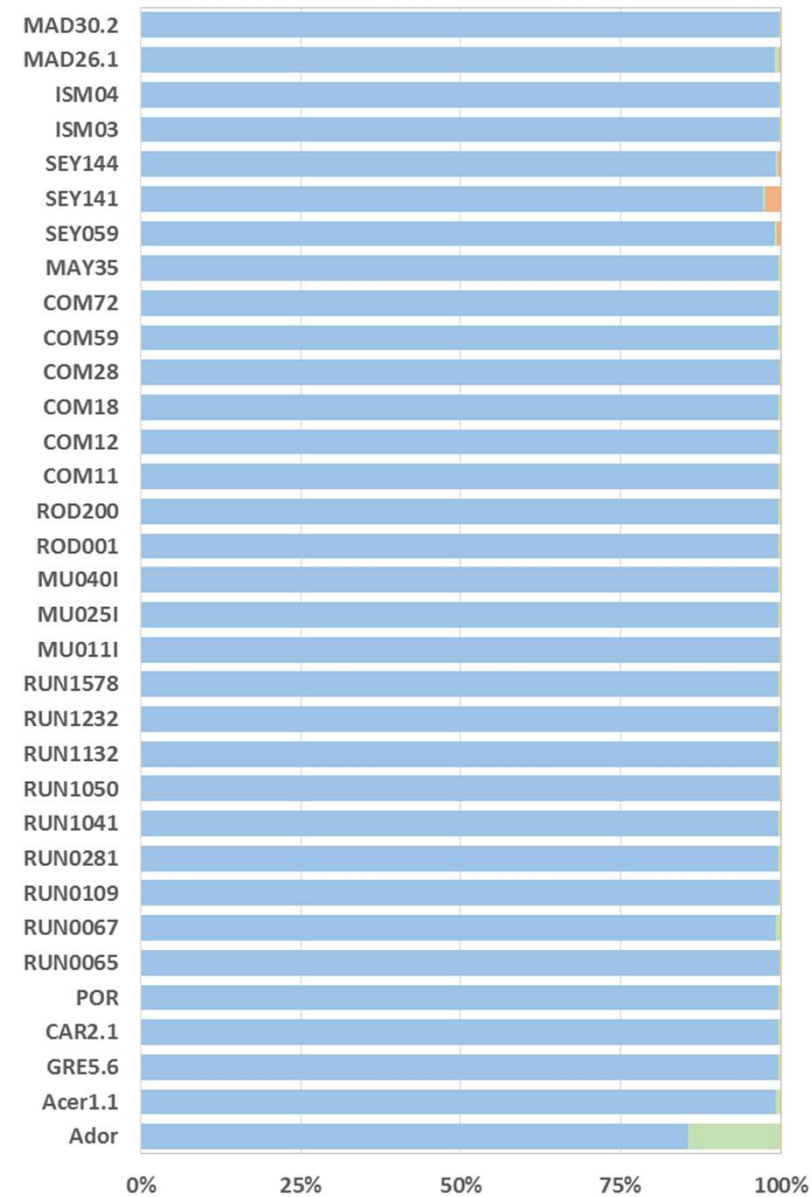
001ER (NC)



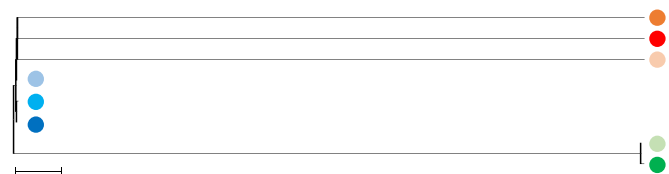
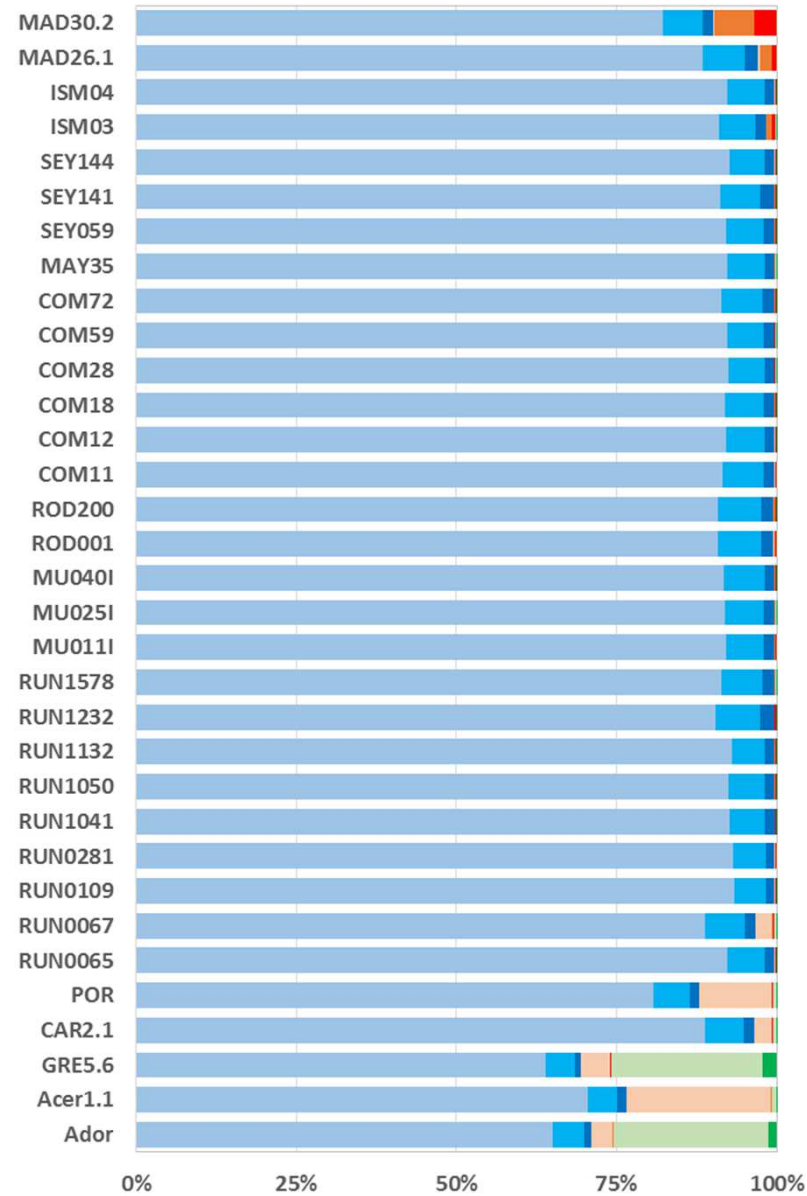
002AF (CR, spore wall protein SWP30)



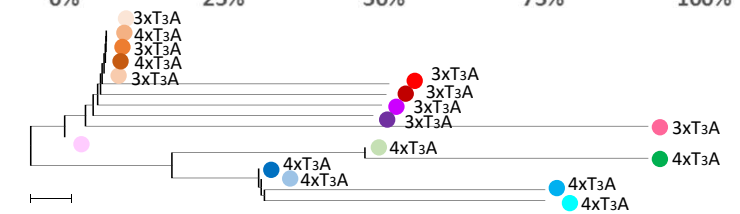
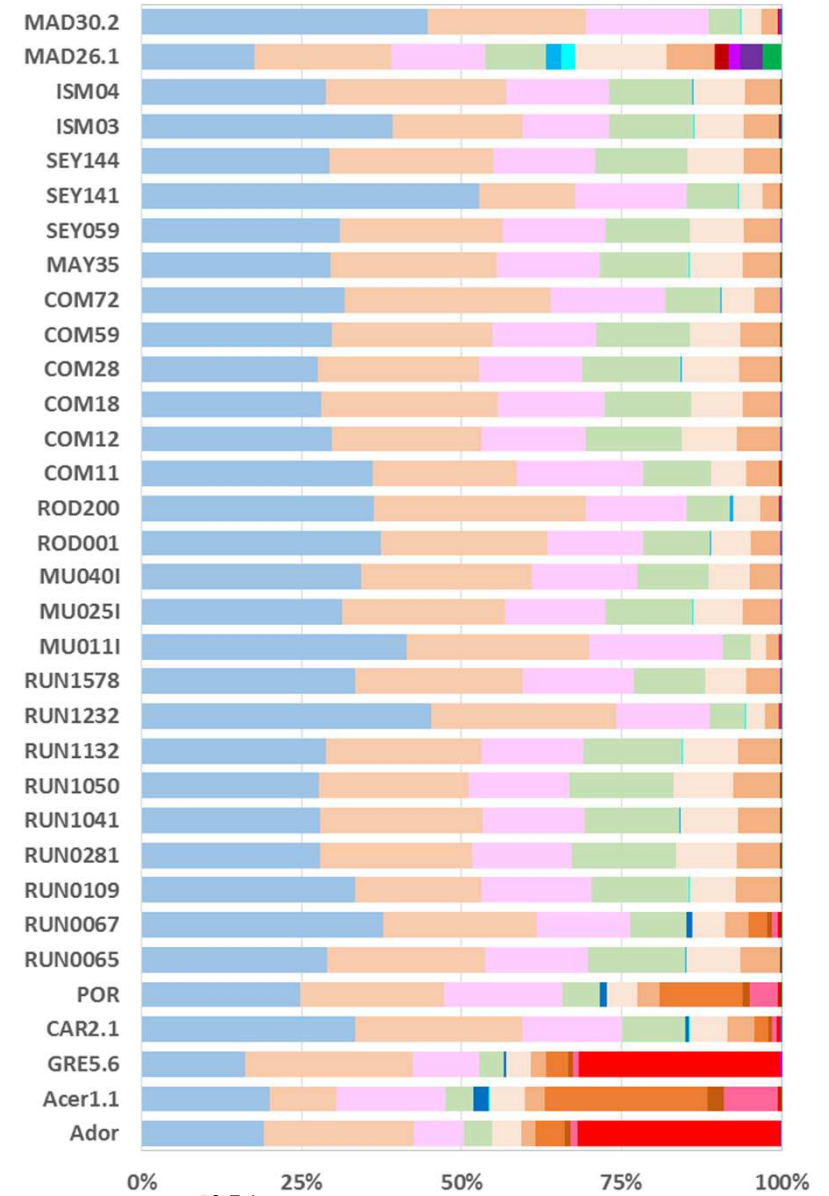
002AR (CR, spore wall protein SWP30)



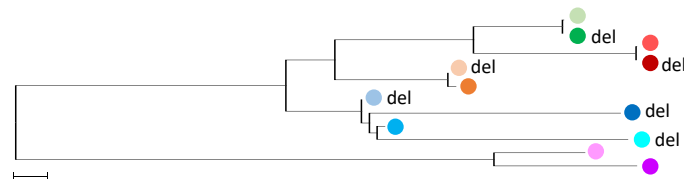
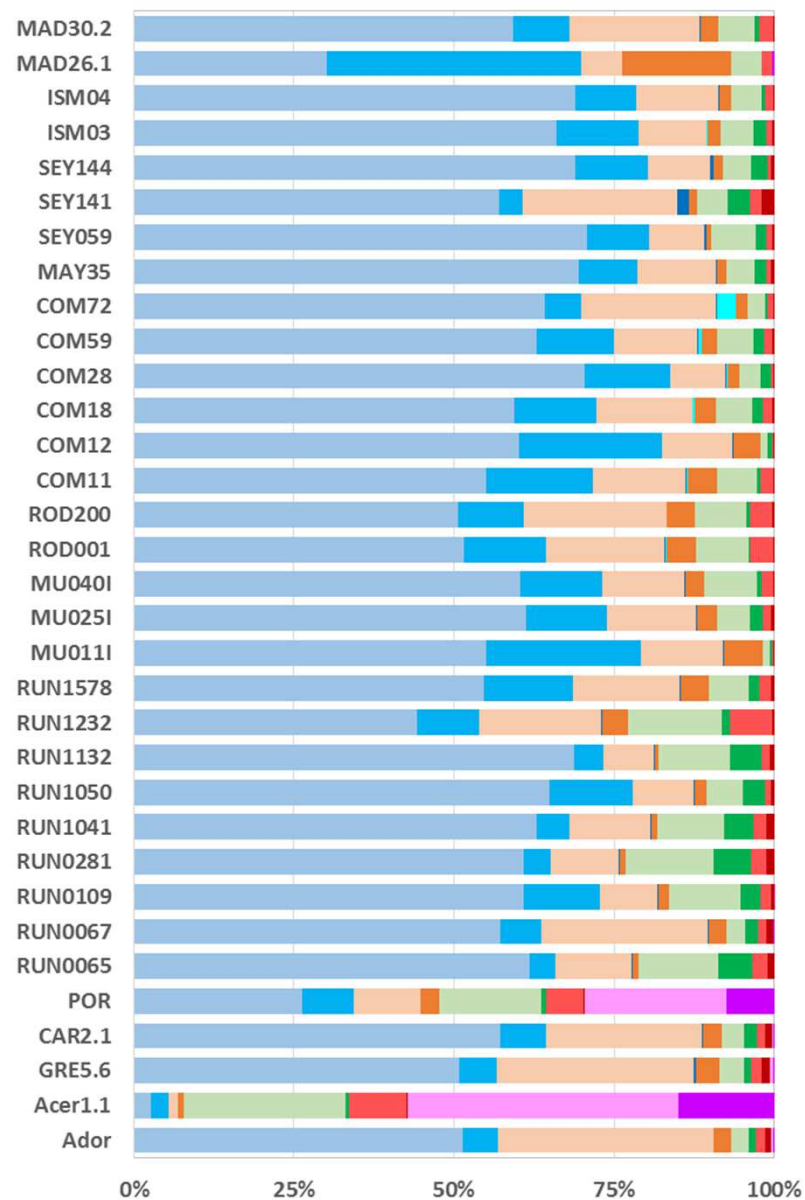
003AF (CR, in ORF AAJ76_3000124483)



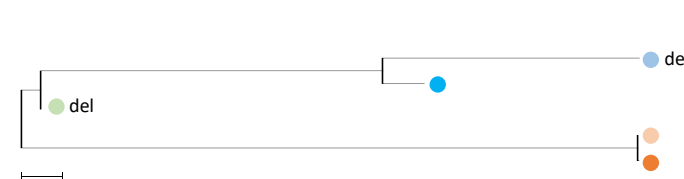
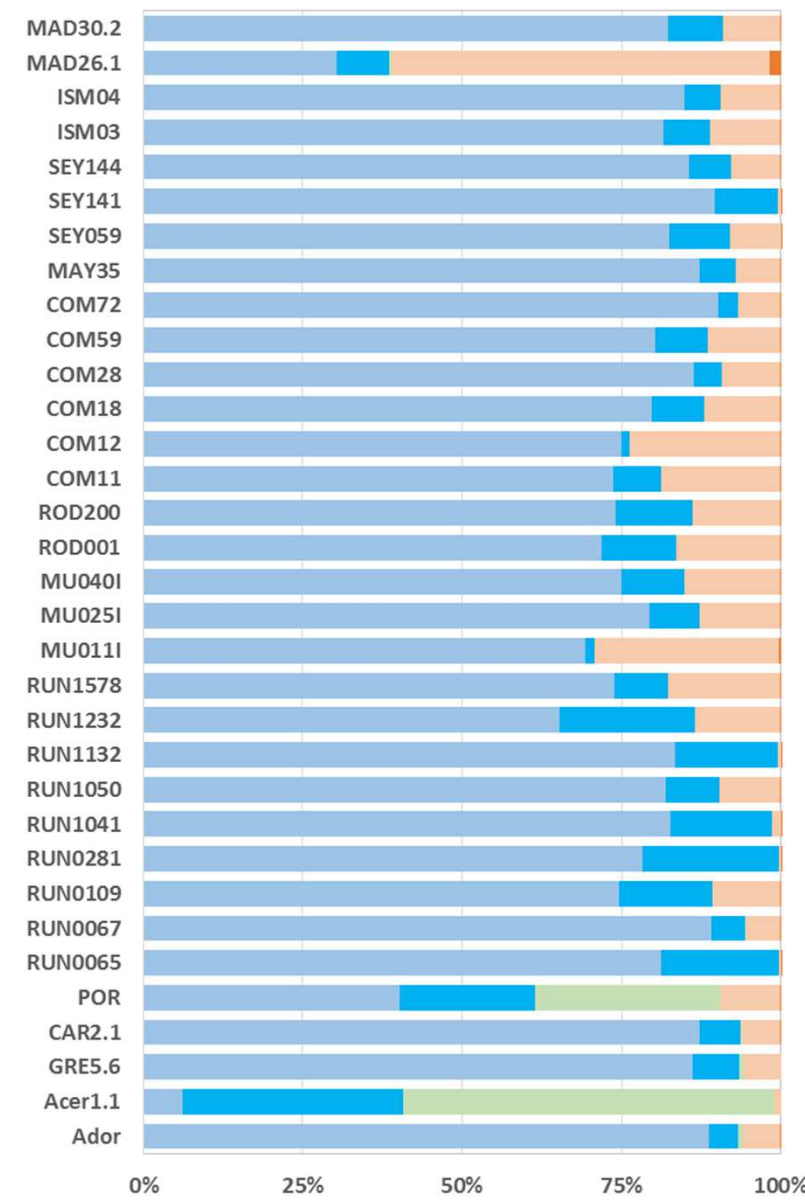
003AR (MS)



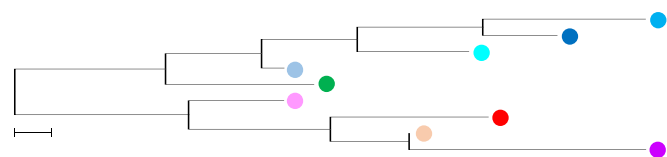
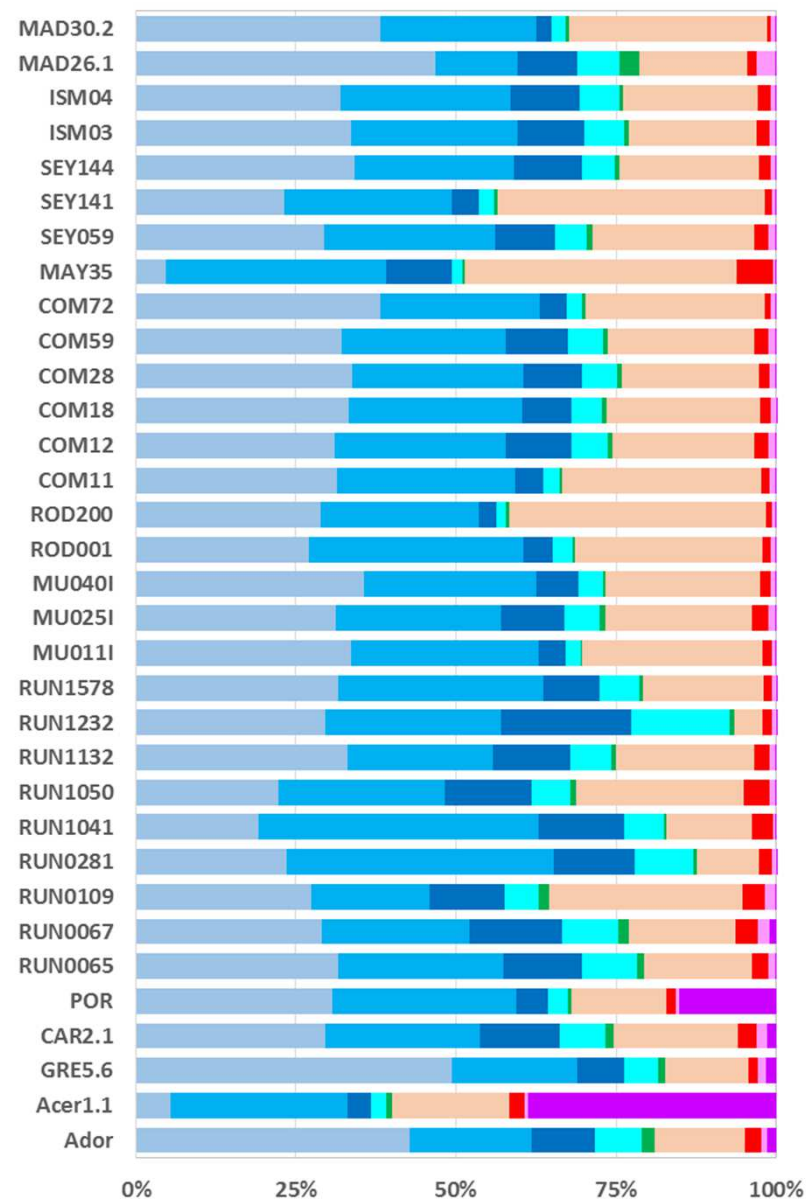
003BF (NC)



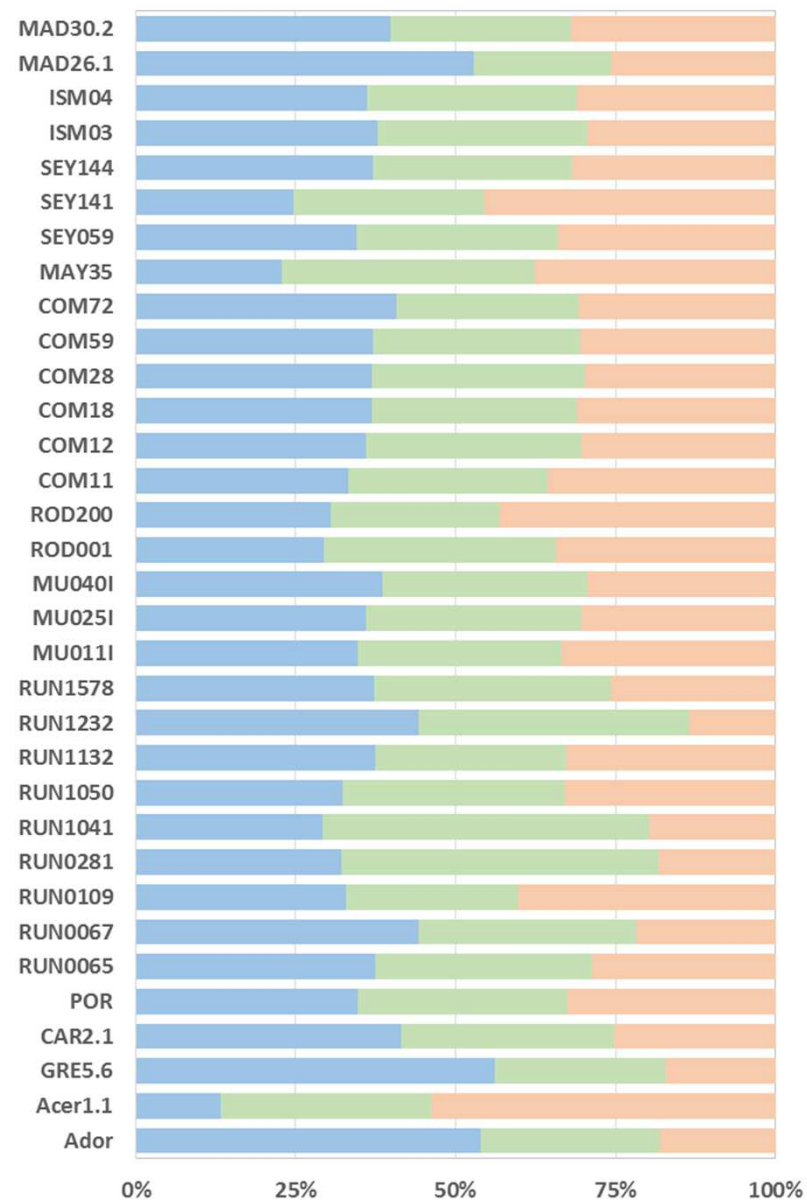
003BR (NC)



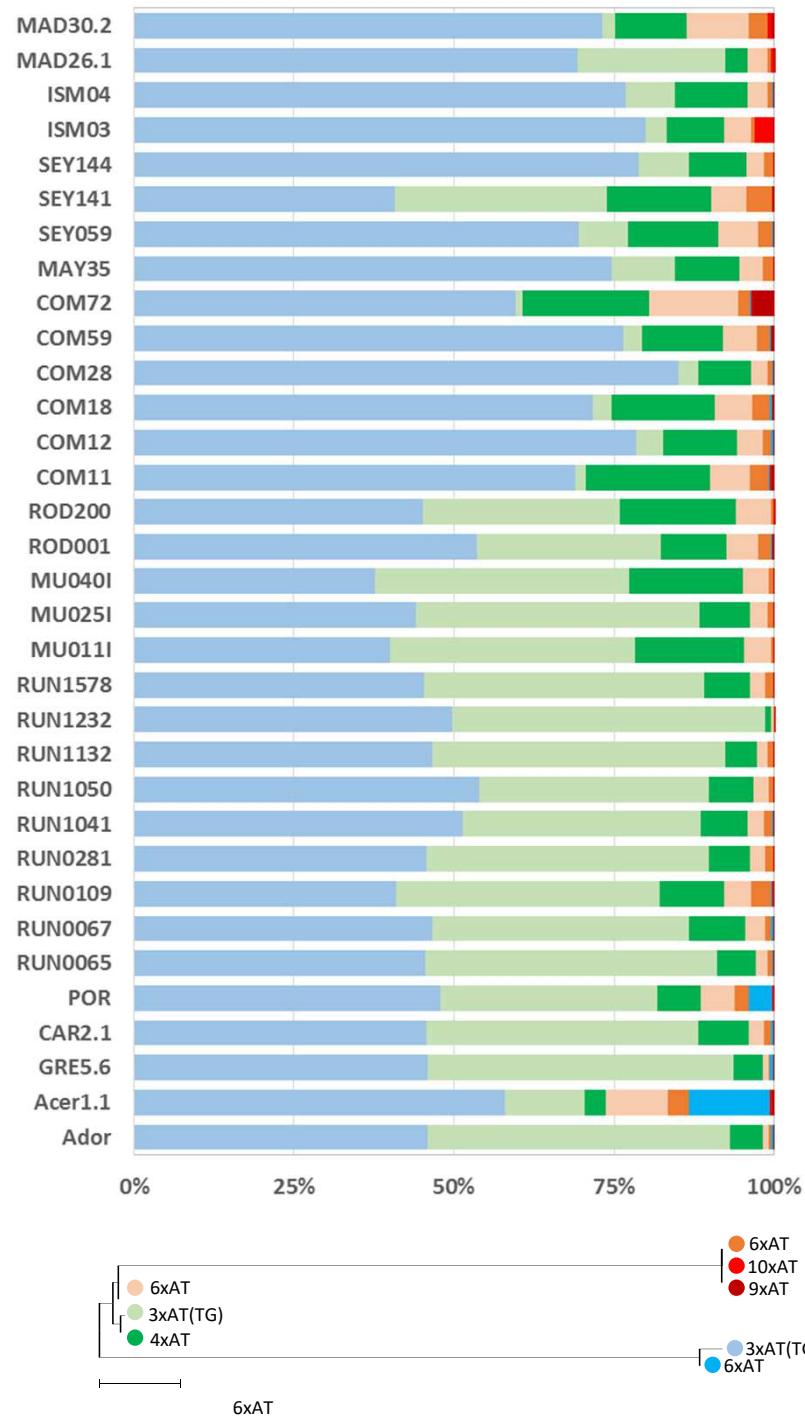
004AF (NC)



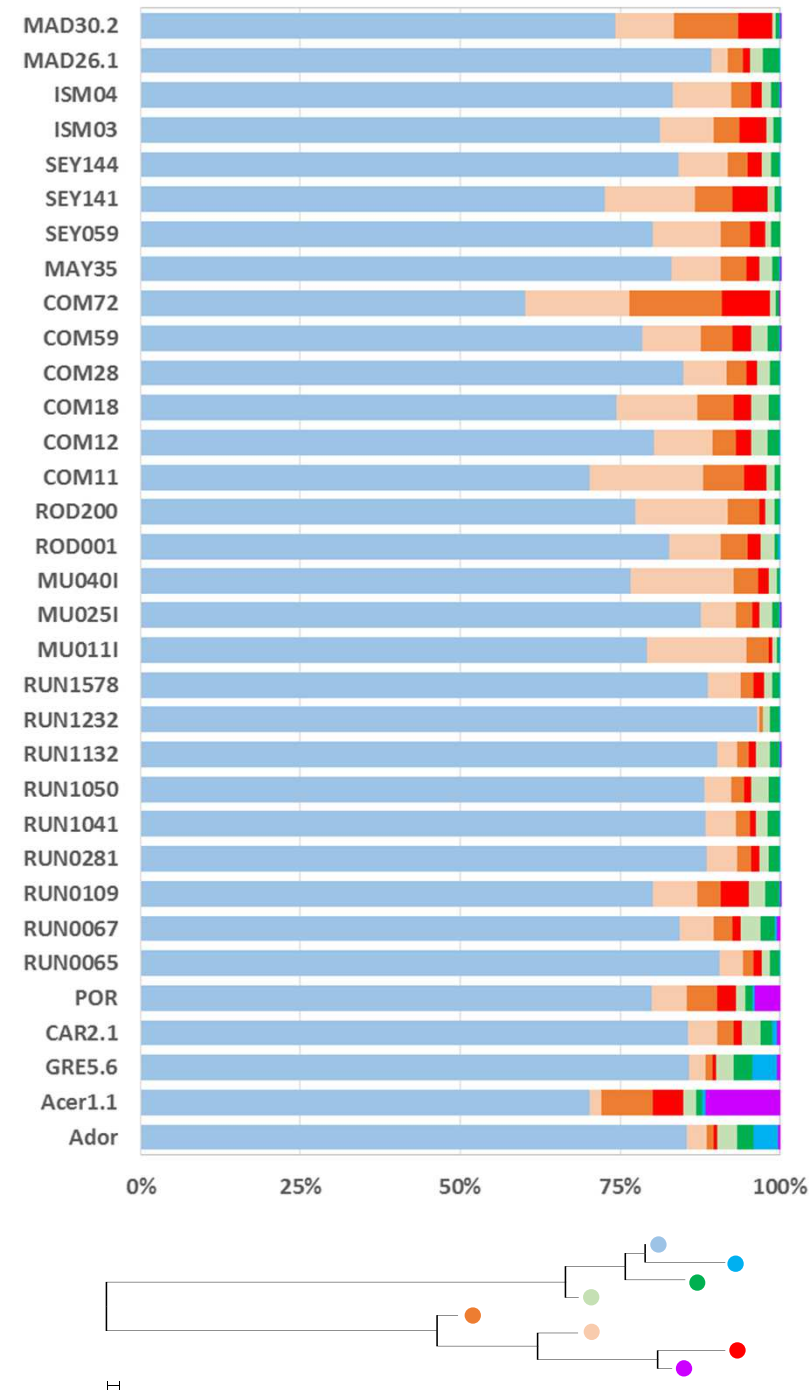
004AR (NC)



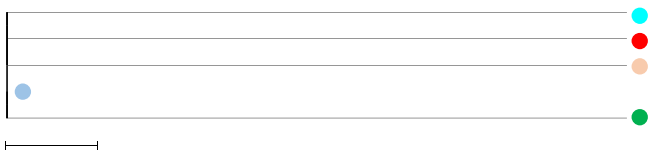
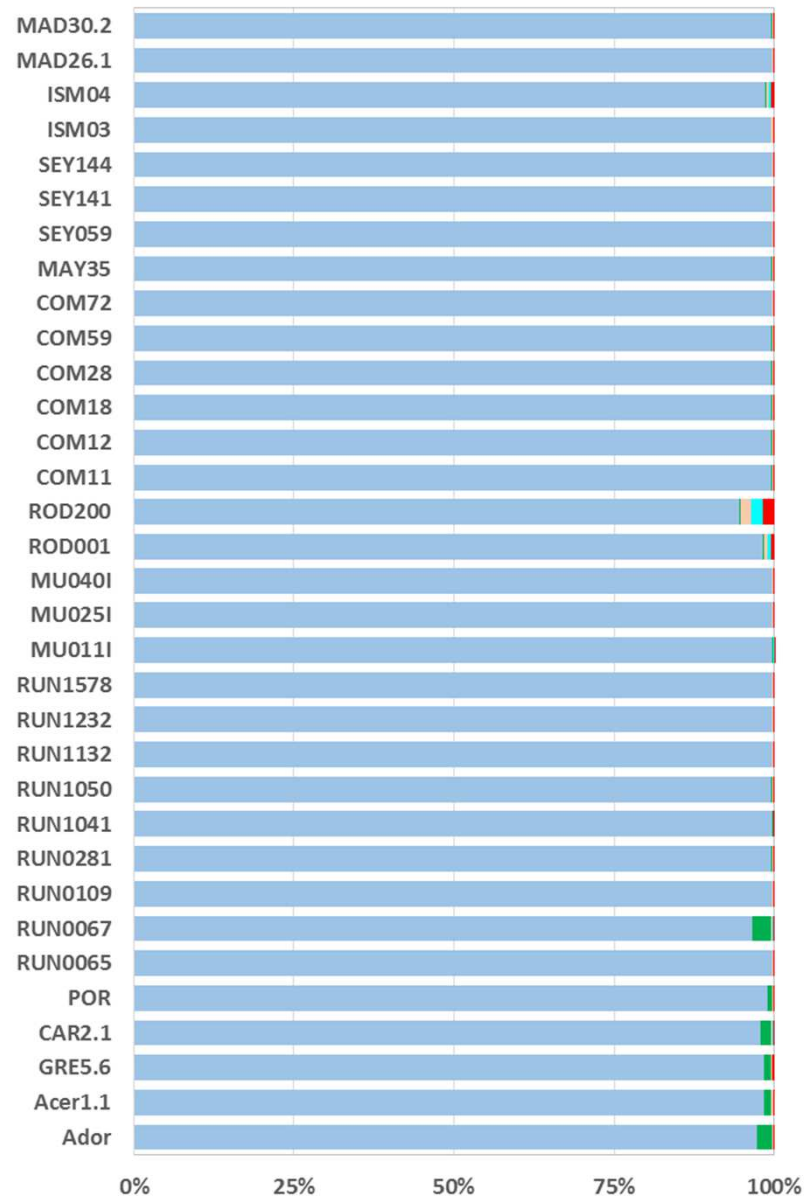
004BF (MS)



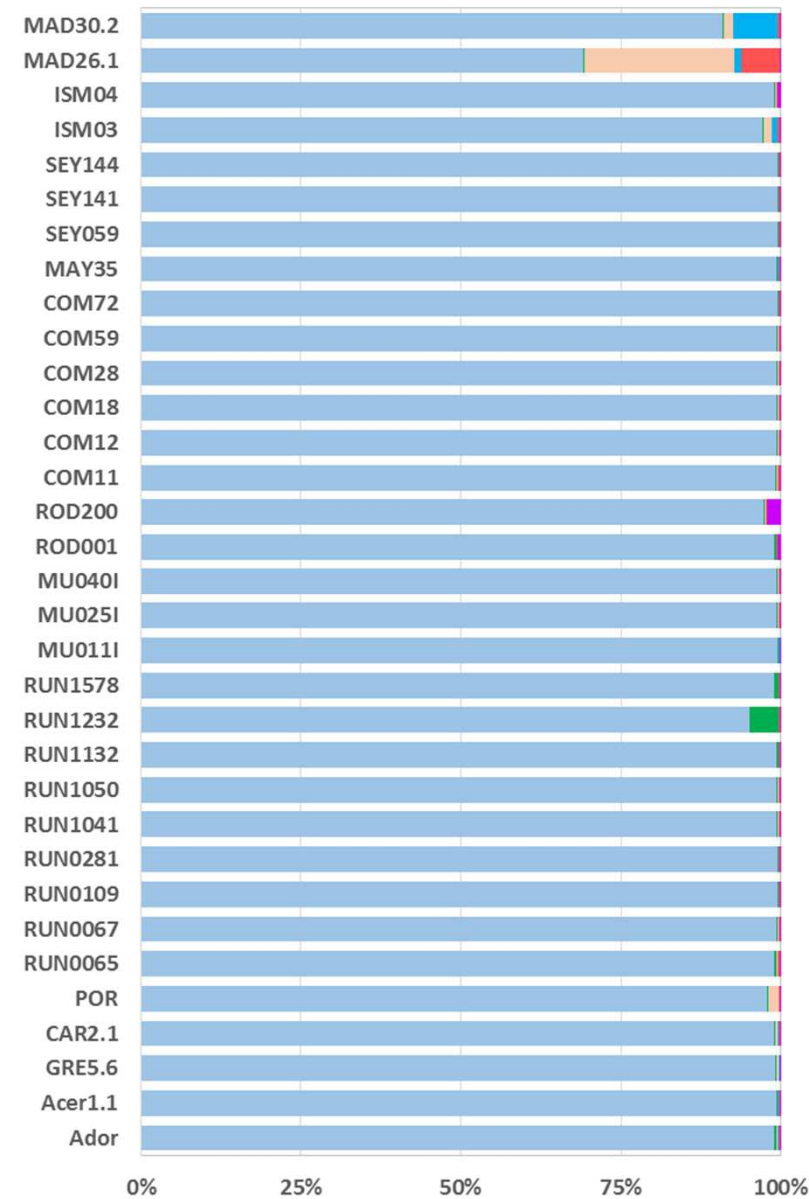
004BR (NC)



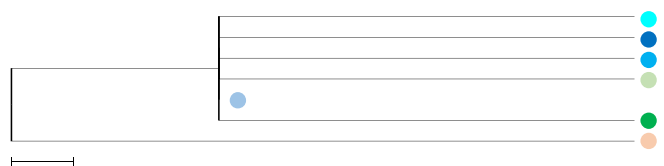
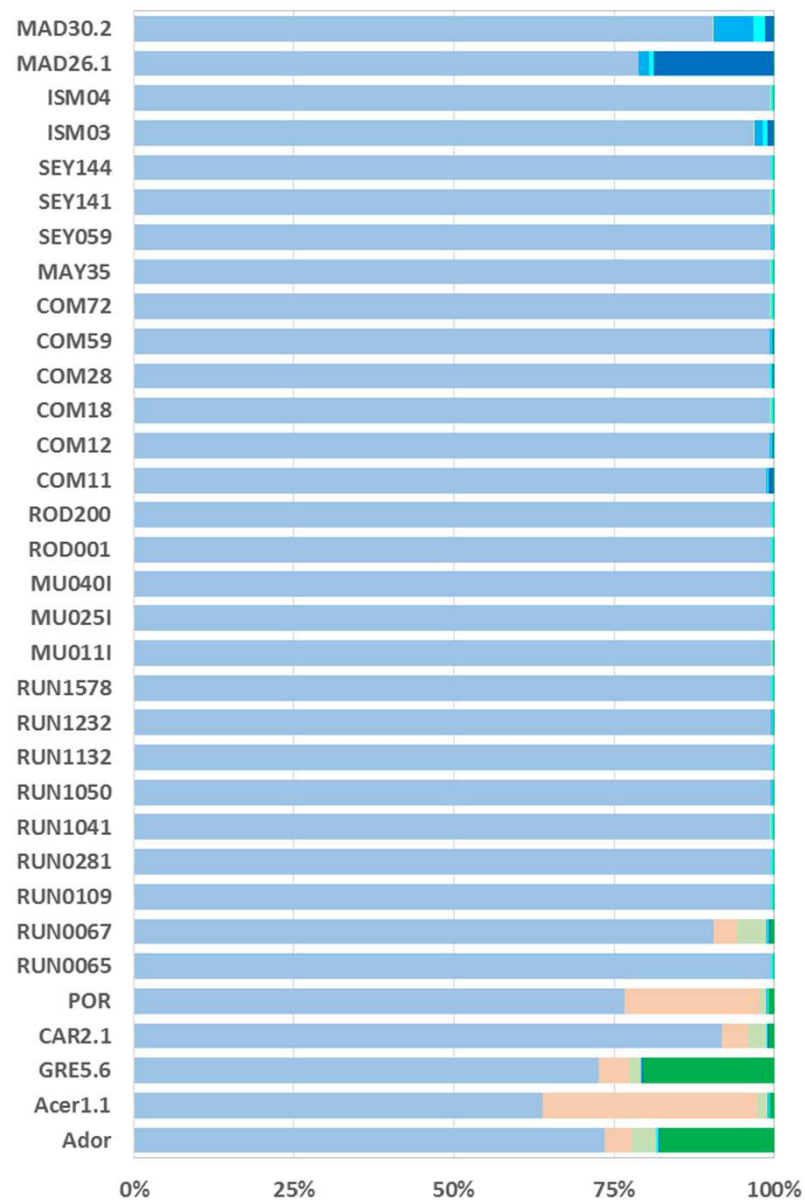
005AF (CR, phosphoacetyl-glucosamine mutase)



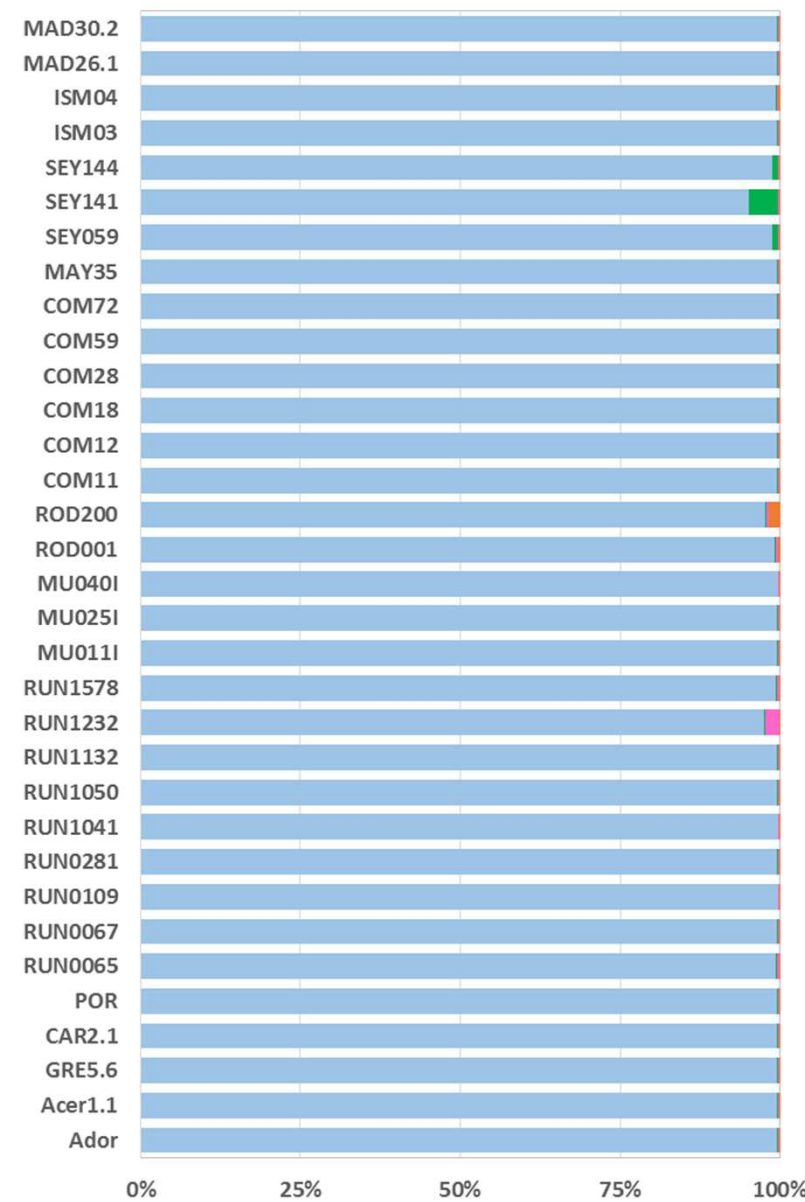
005AR (CR, phosphoacetyl-glucosamine mutase)



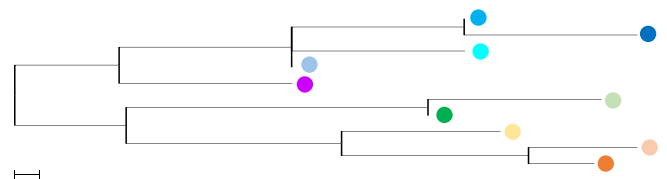
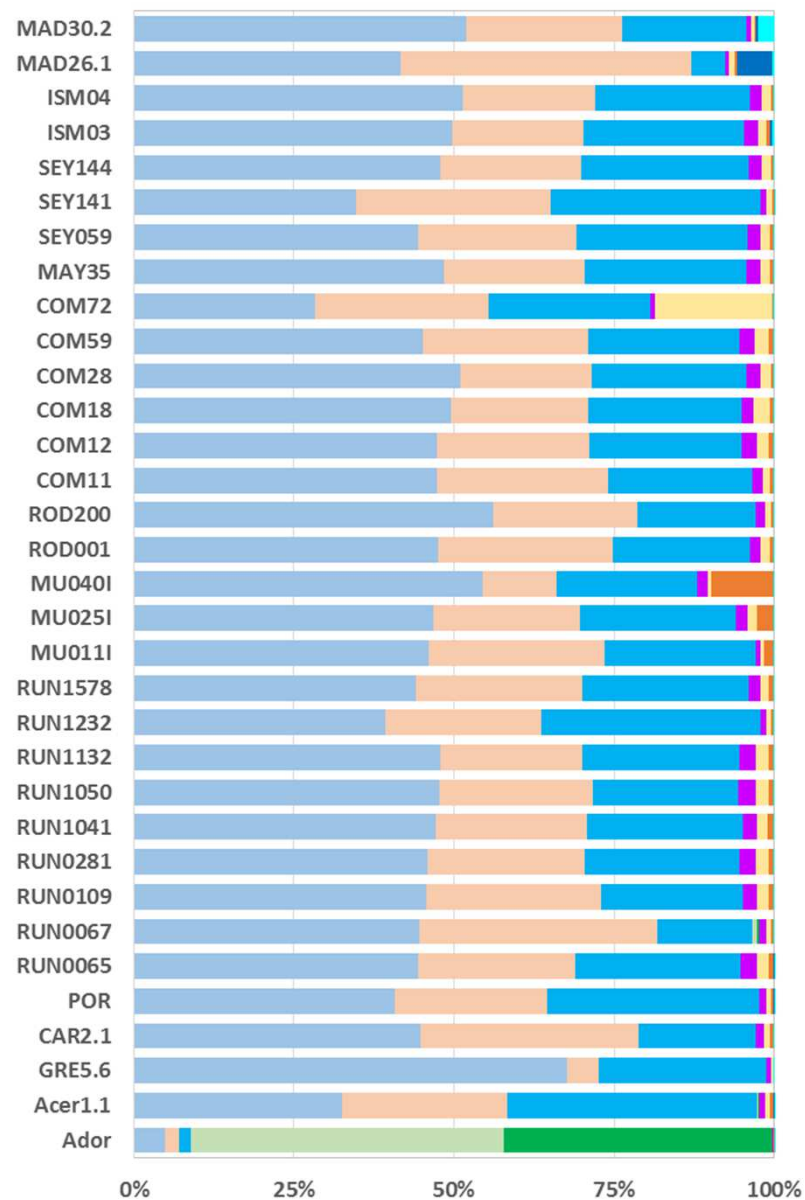
005BF (CR, hypothetical actin)



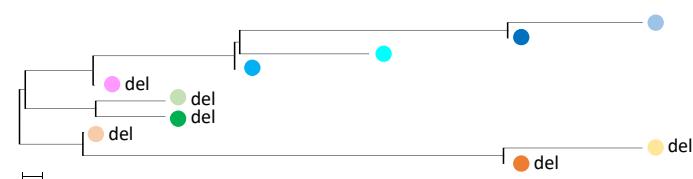
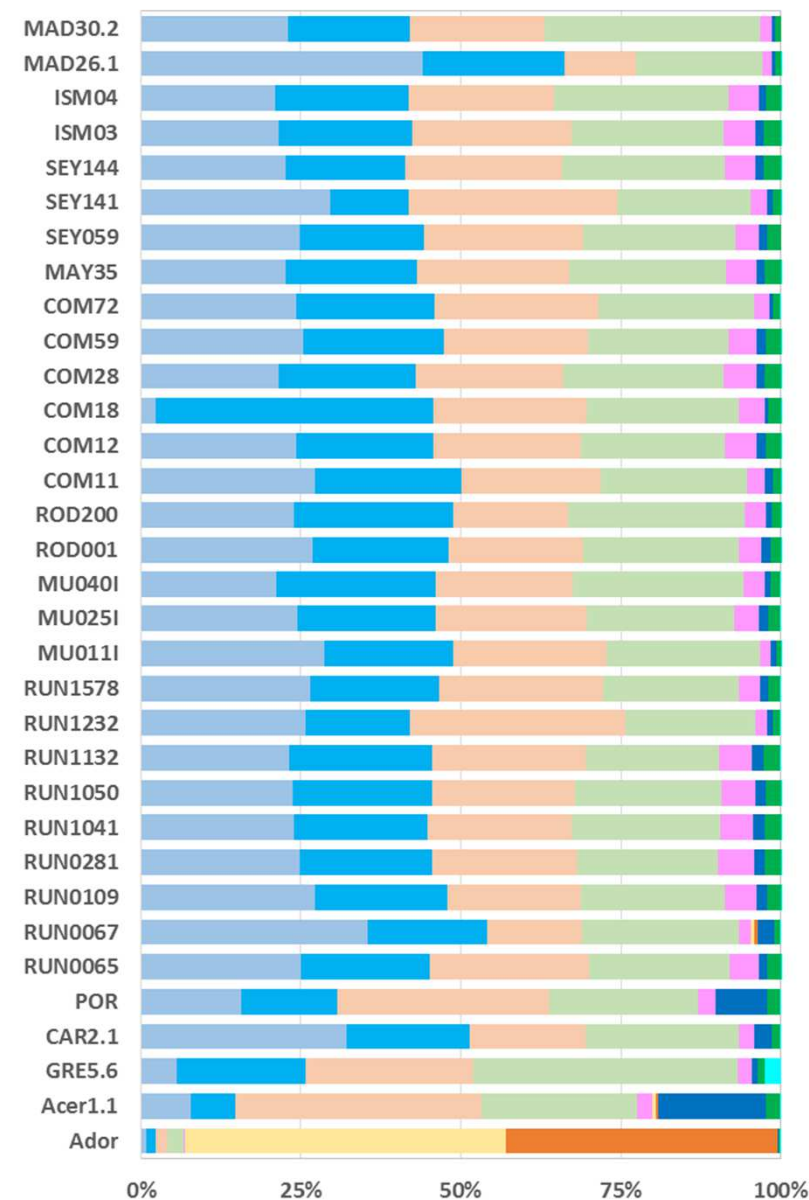
005BR (CR, hypothetical actin)



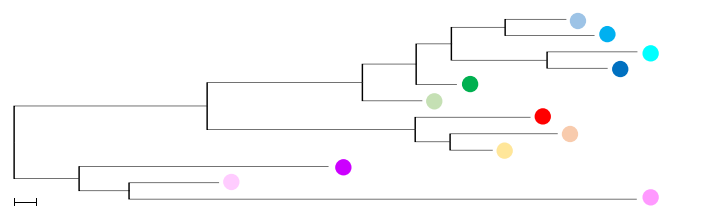
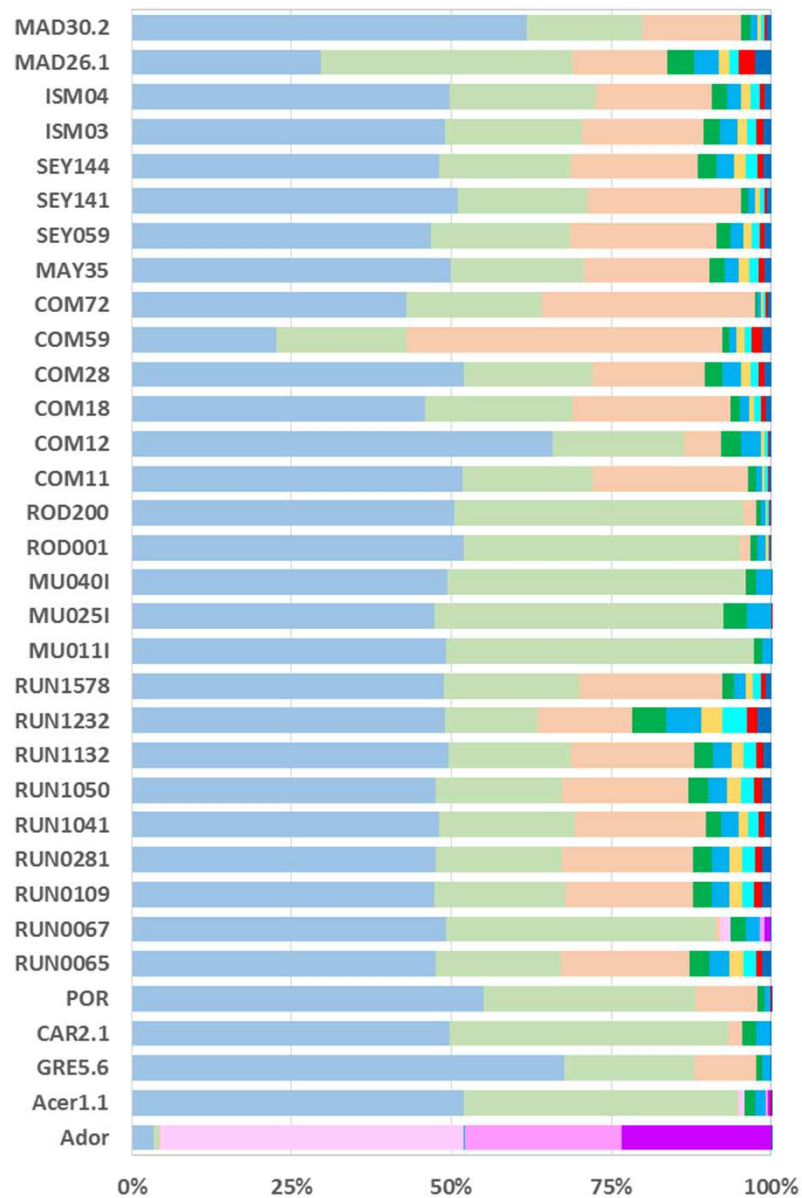
006AF (NC)



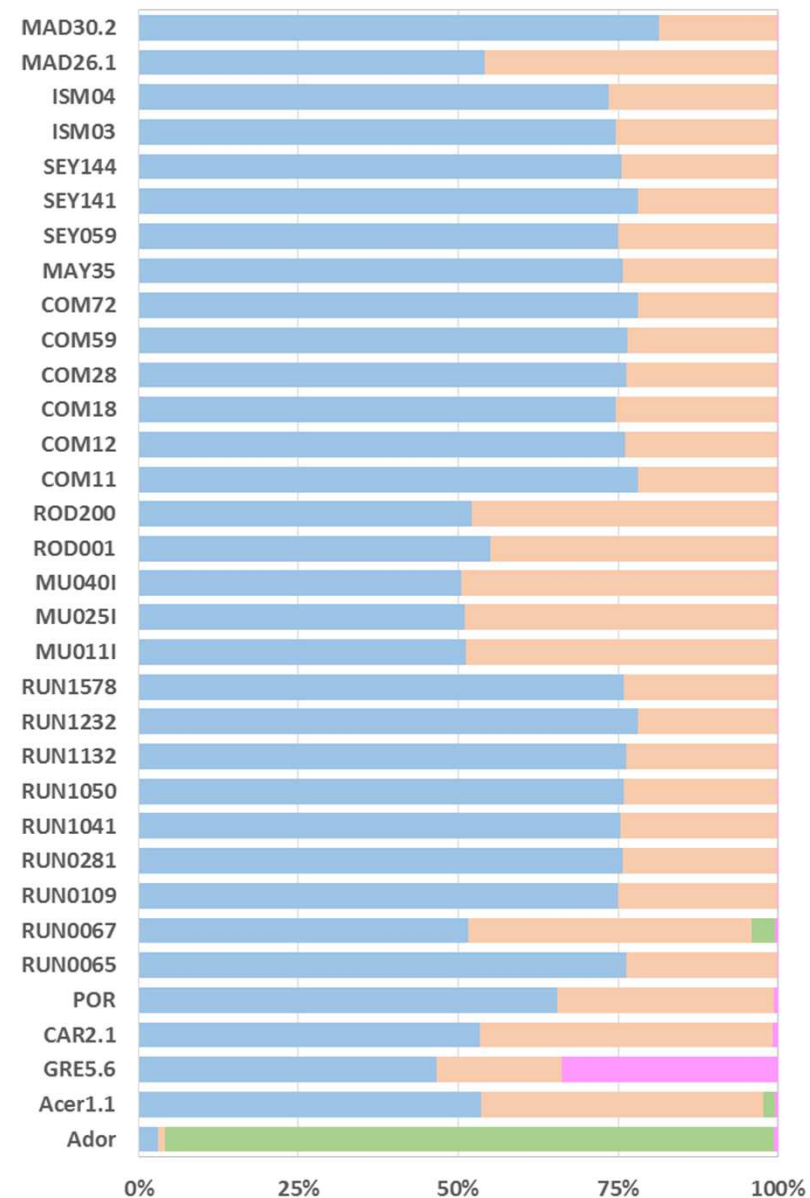
006AR (NC)



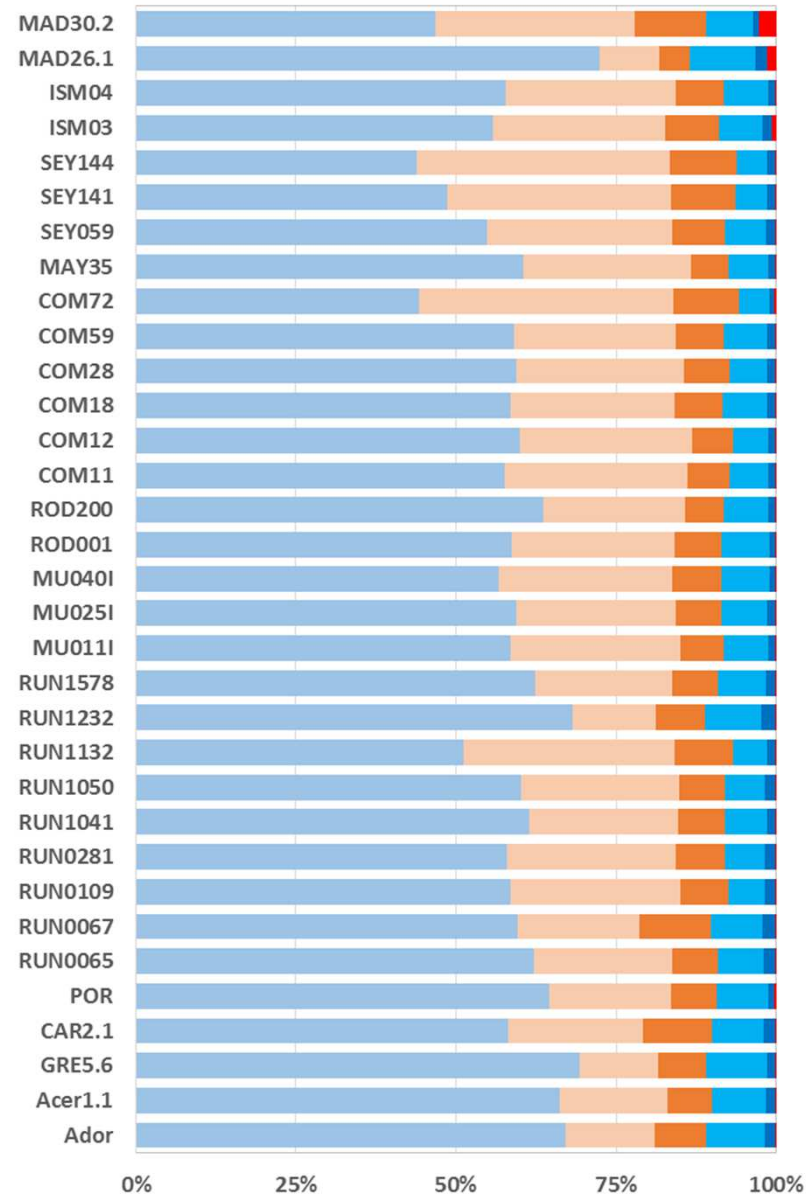
009AF (CR, in ORF AAJ76_900012560)



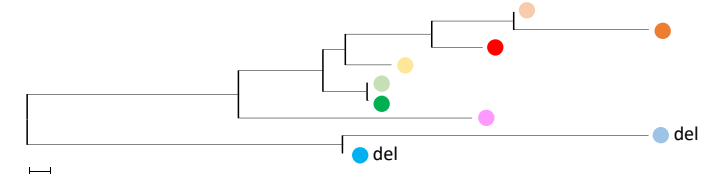
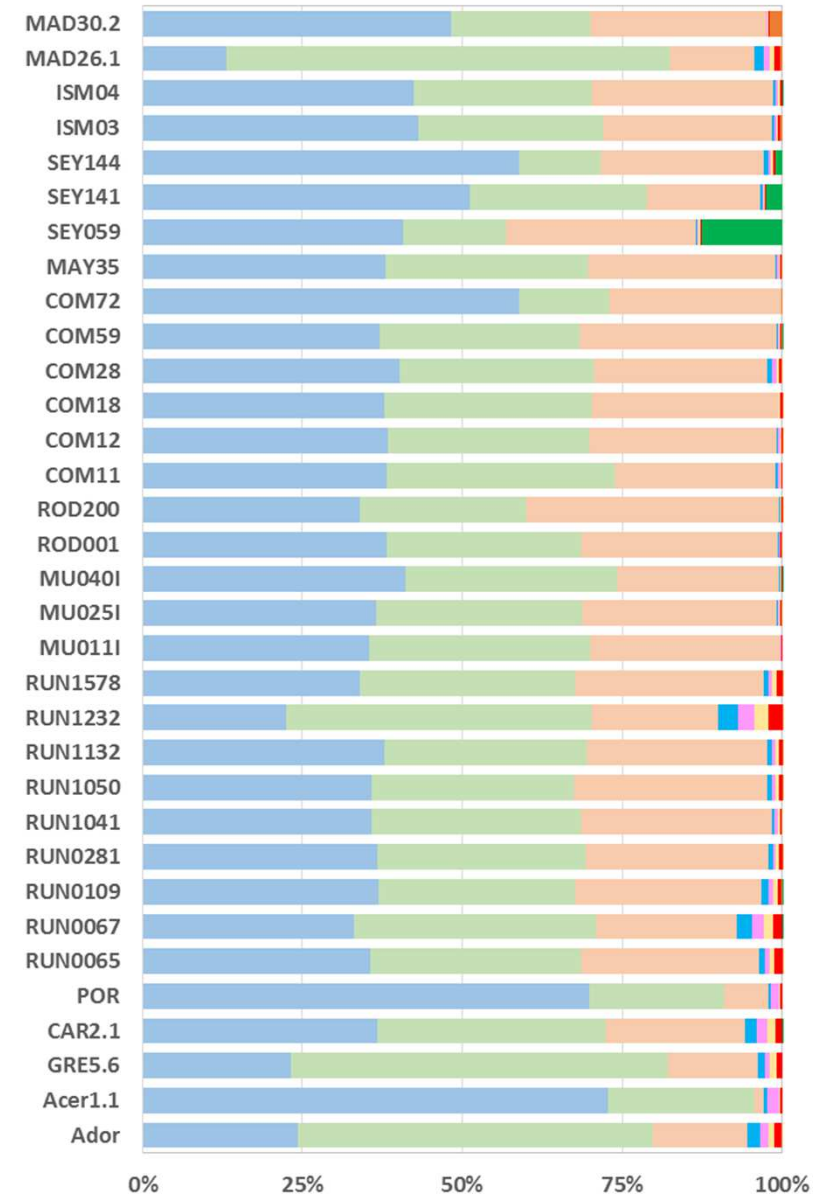
009AR (CR, in ORF AAJ76_900012560)



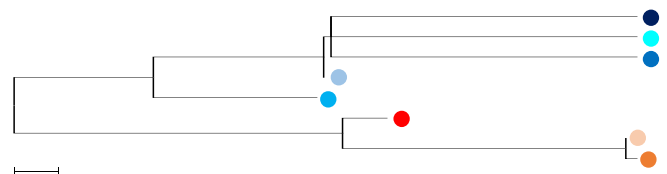
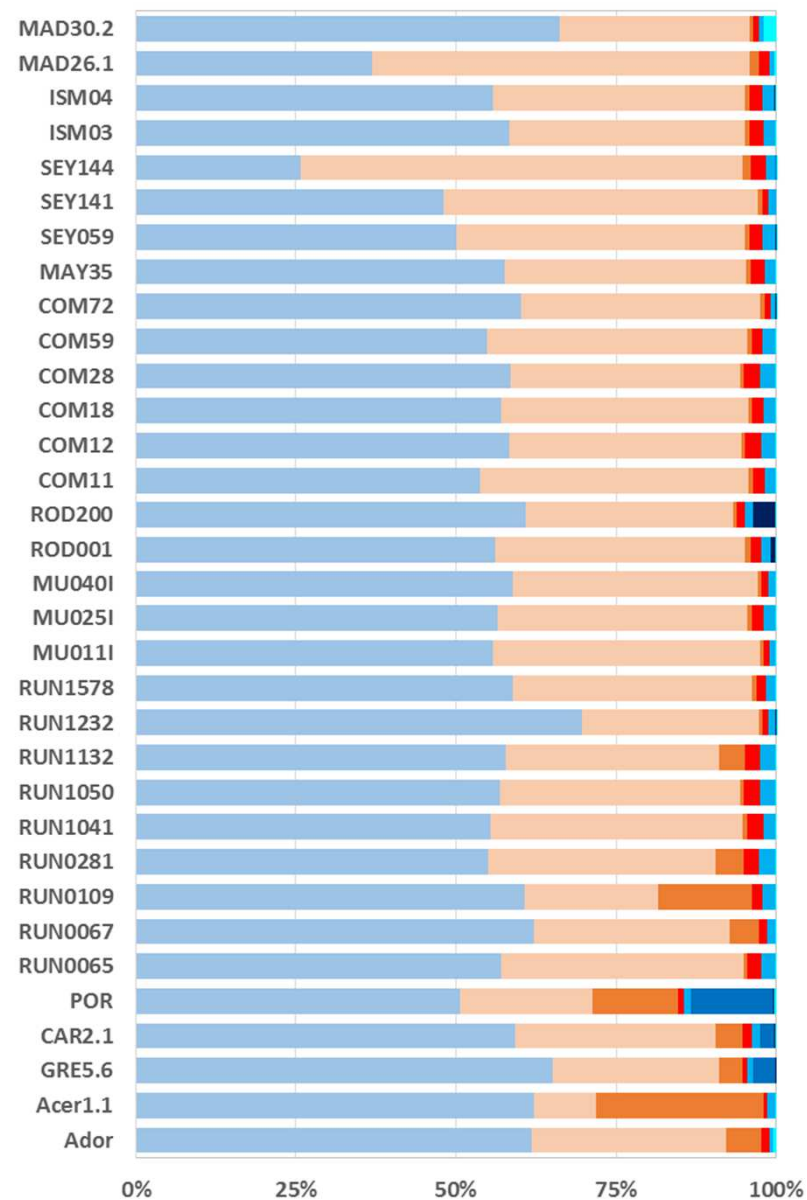
011AF (NC)



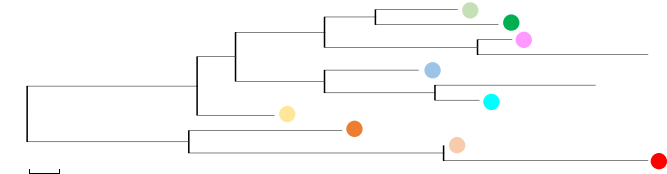
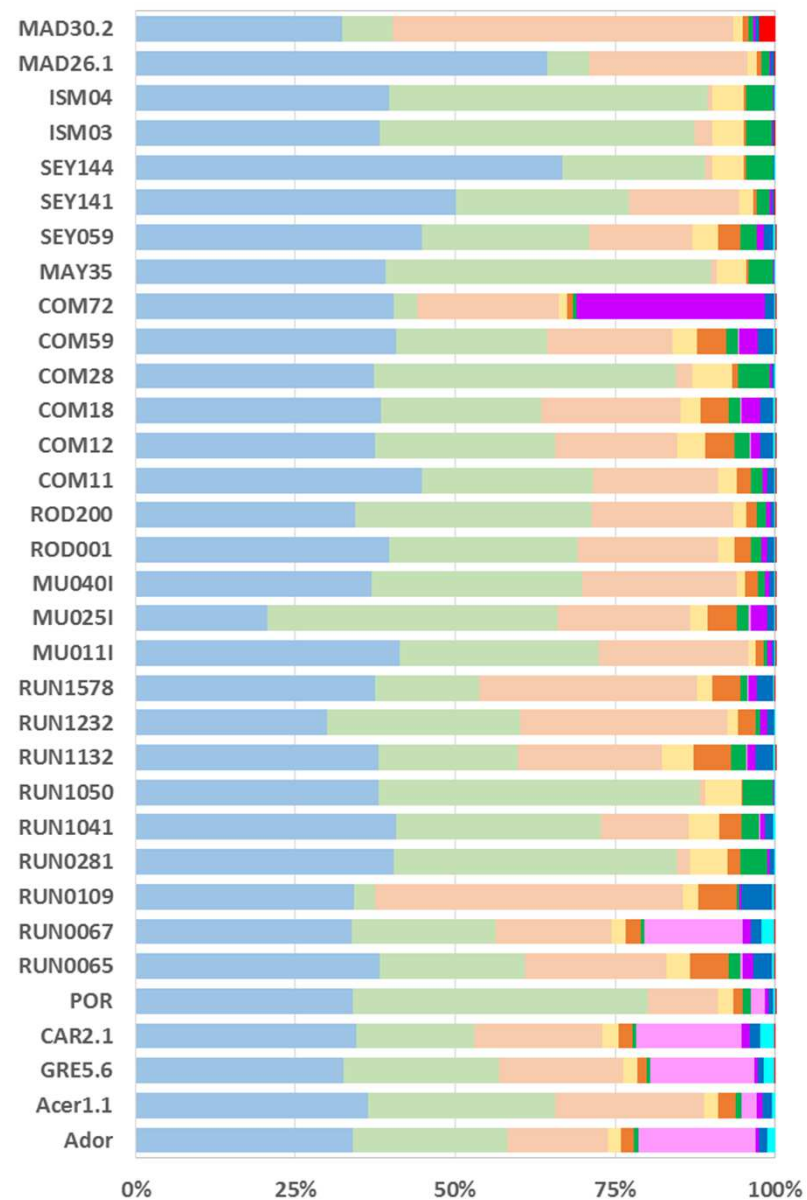
011AR (NC)



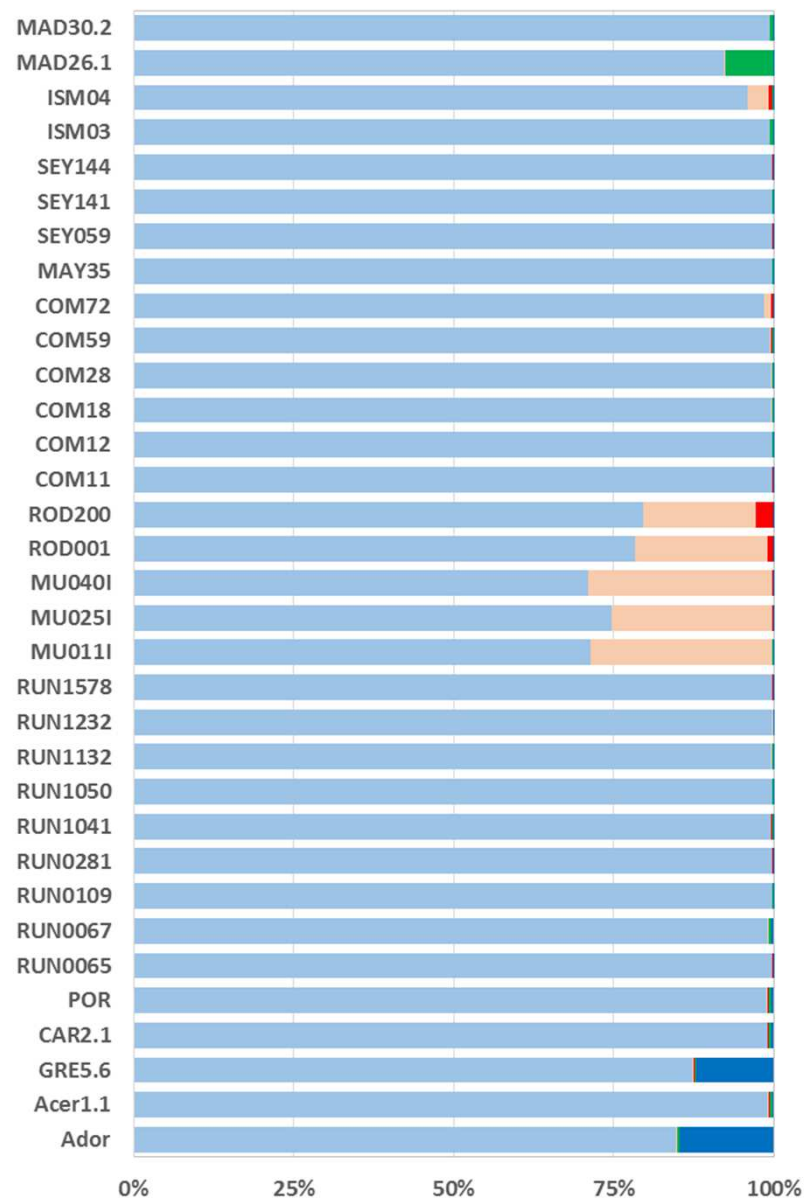
011BF (NC)



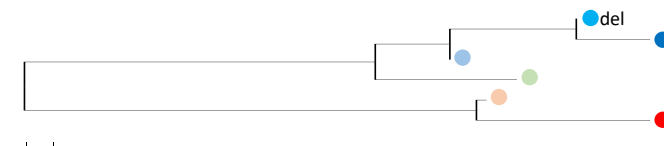
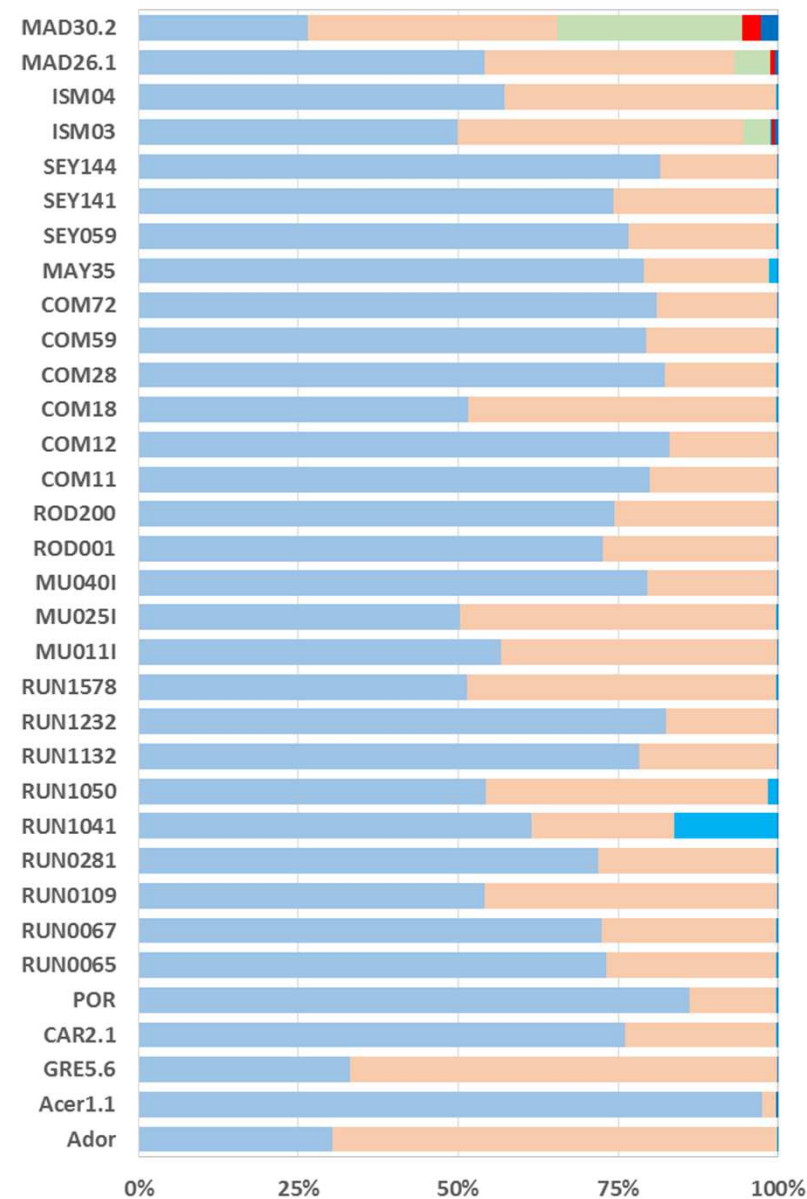
011BR (NC)



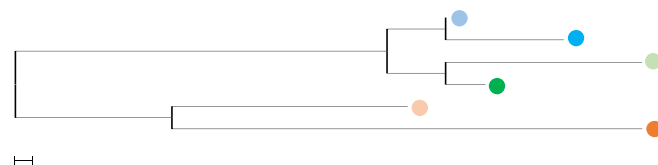
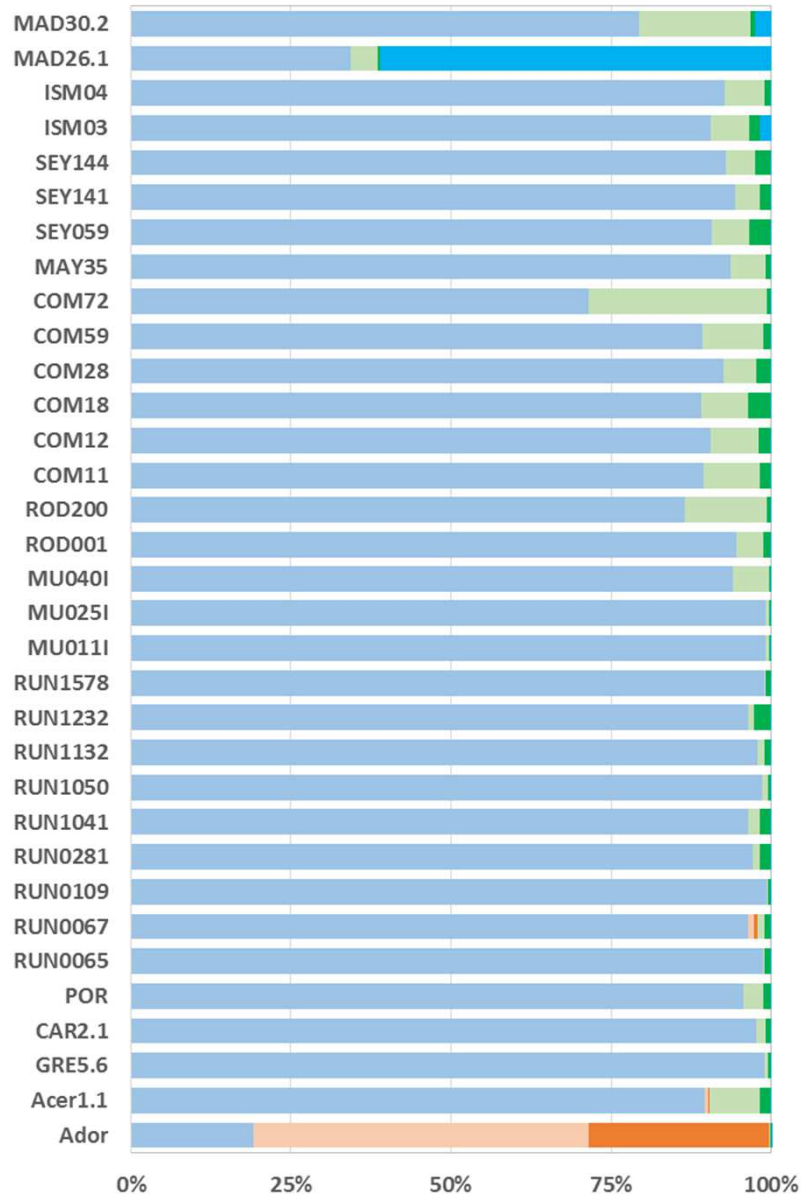
013AF (CR, in ORF AAJ76_1300036493)



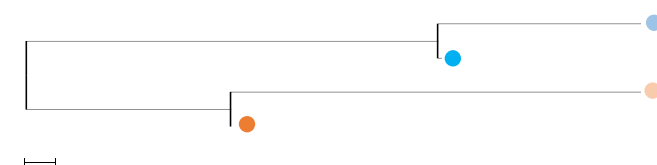
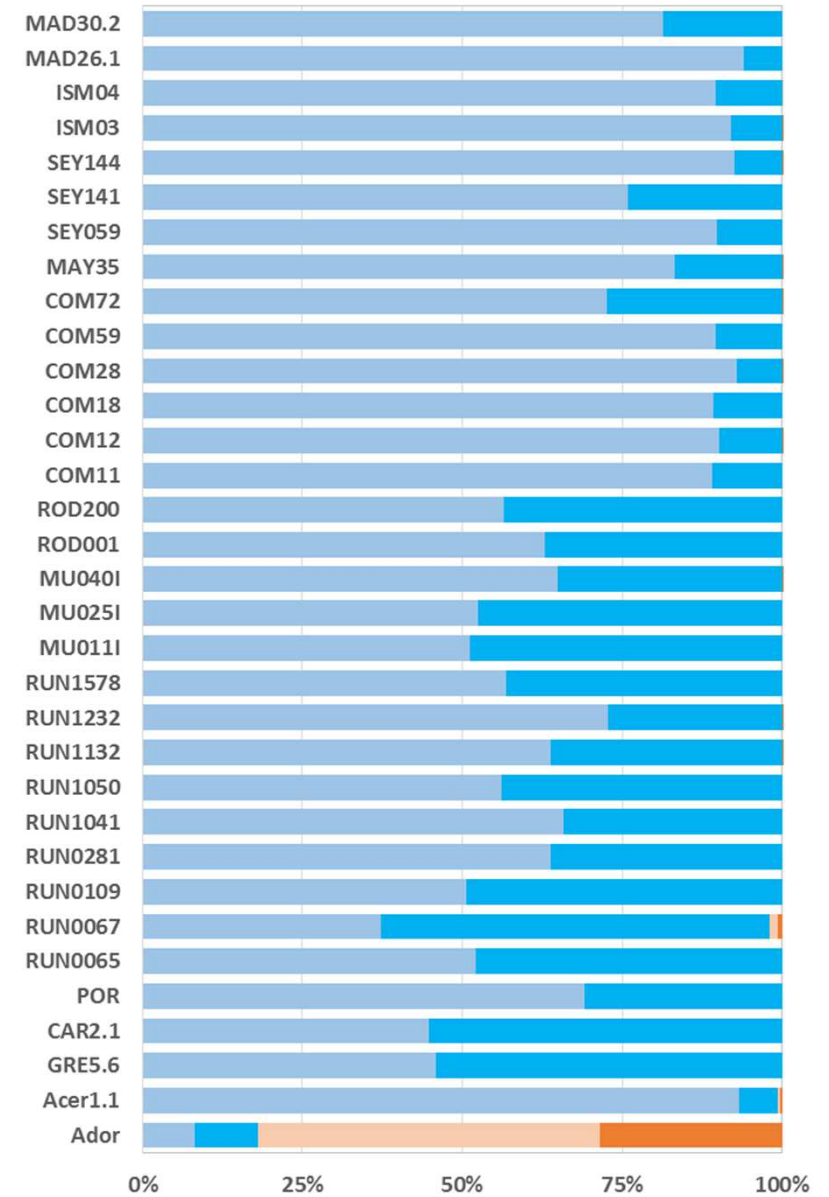
013AR (CR, in ORF AAJ76_1300036493)



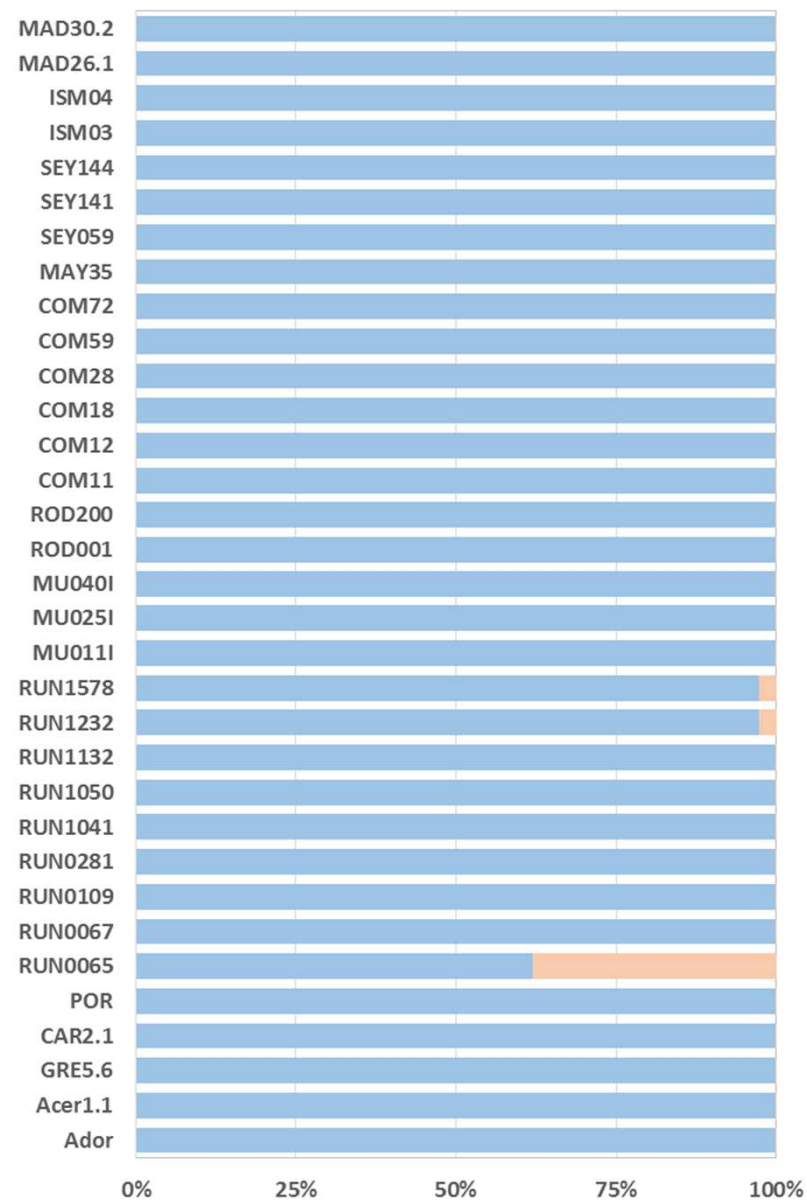
013BF (NC)



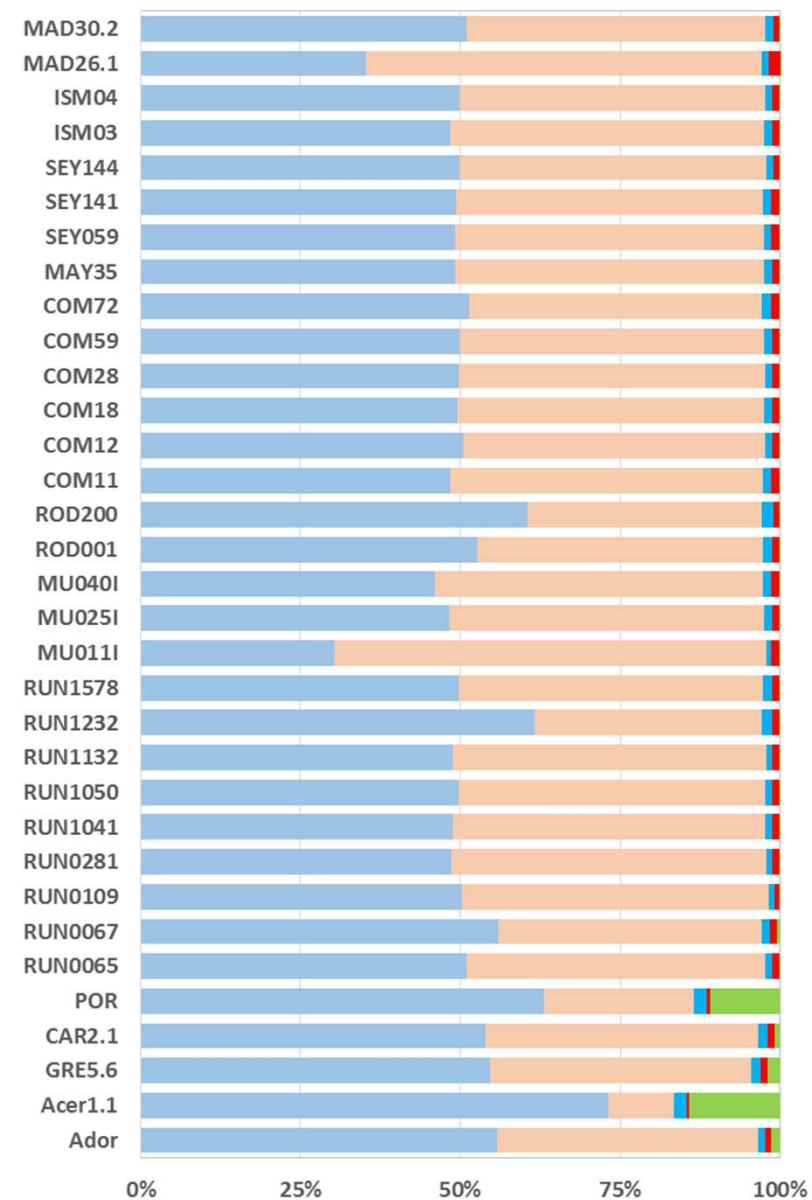
013BR (NC)



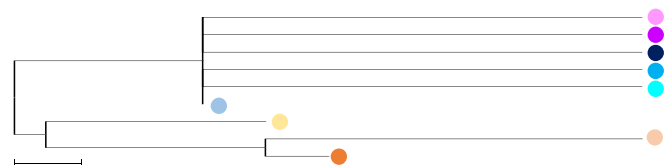
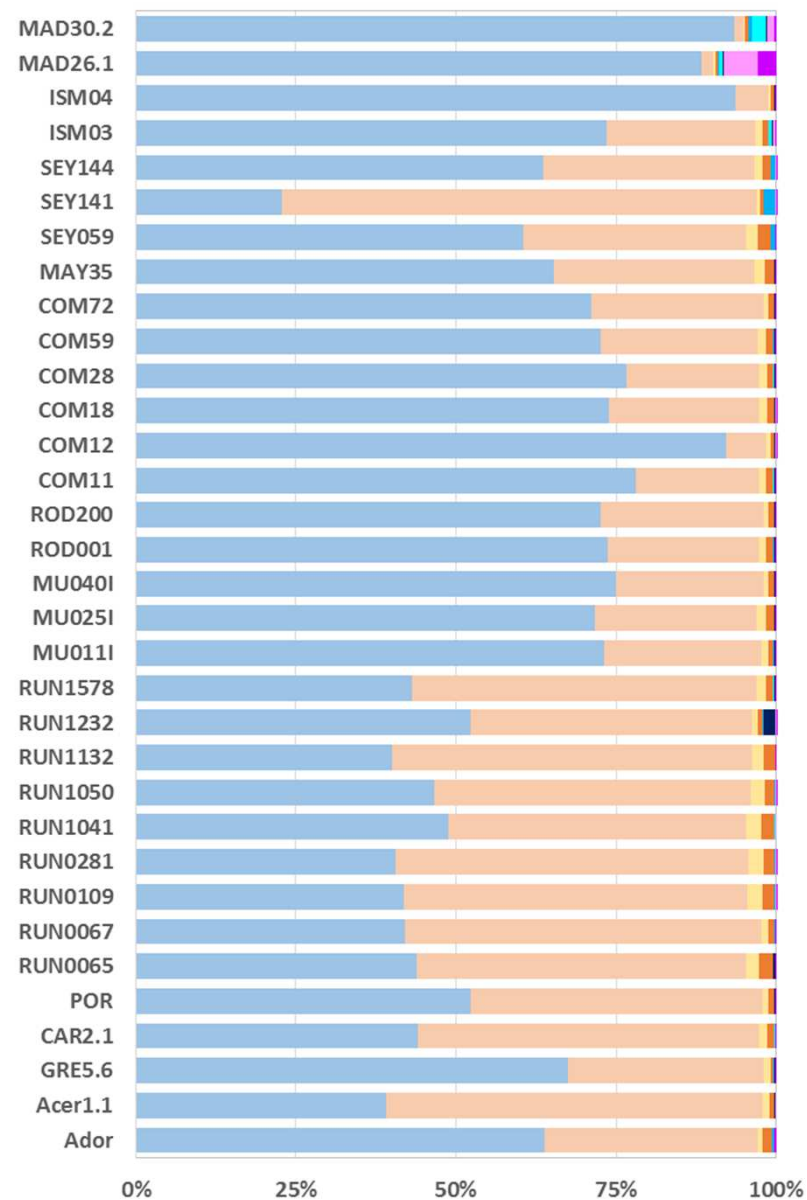
014AF (CR, zinc finger protein)



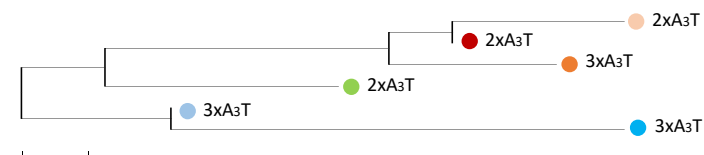
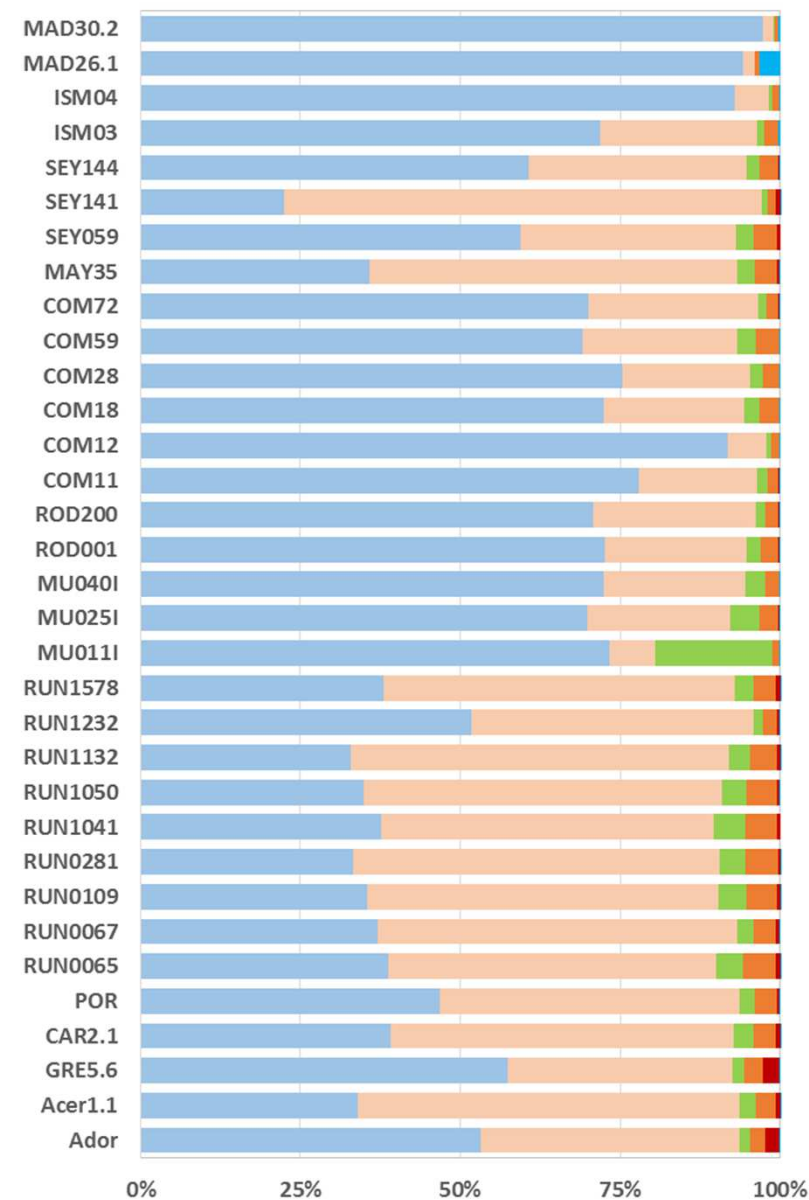
014AR (NC)



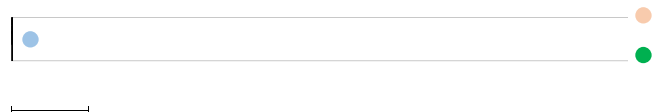
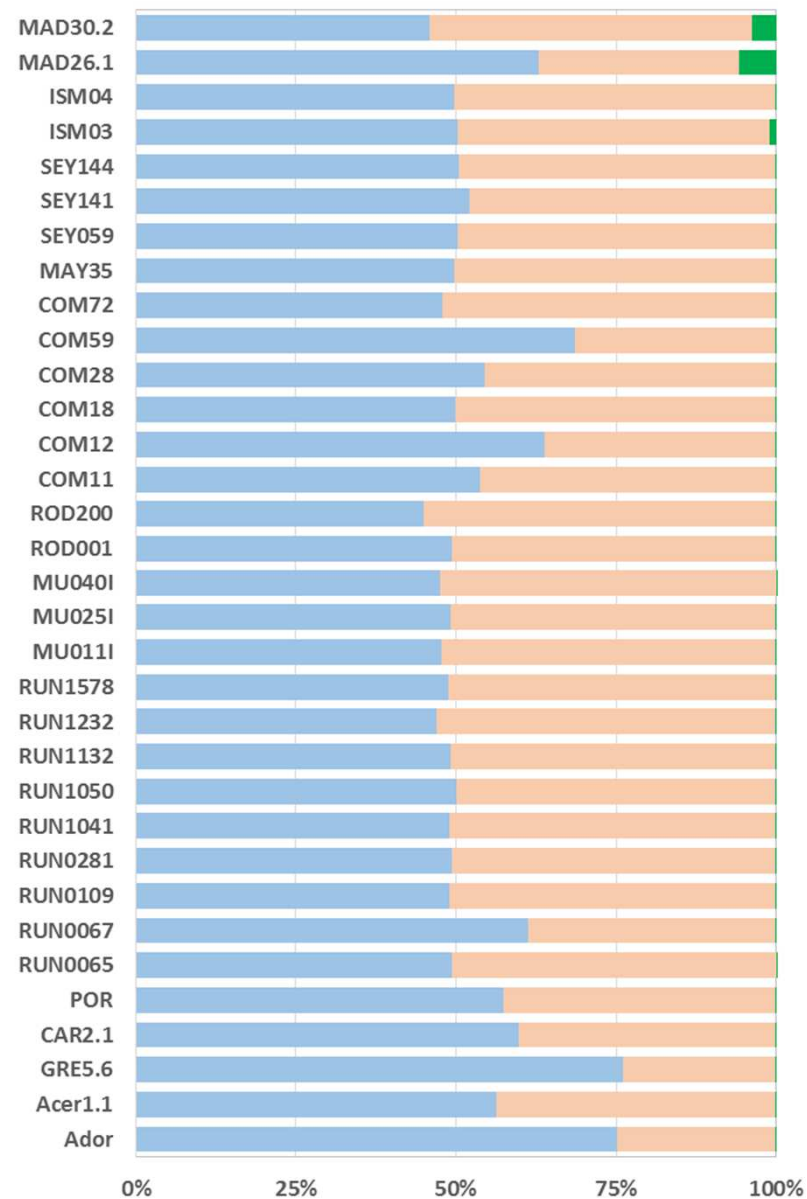
016AF (CR, in ORF AAJ76_1600025098)



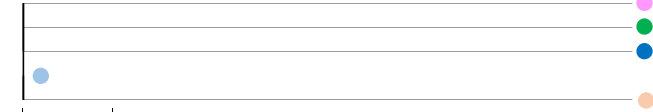
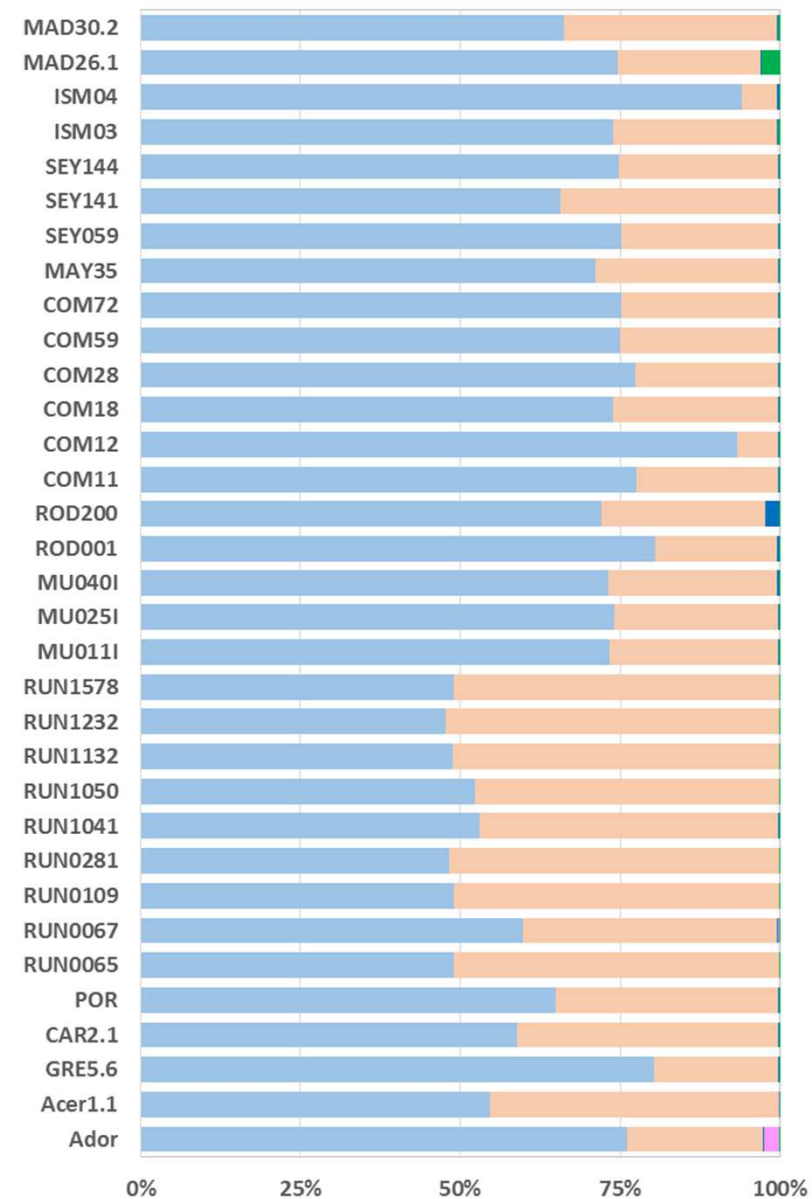
016AR (NC)



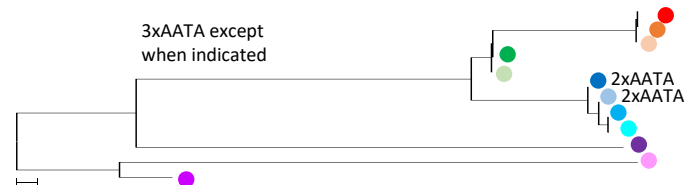
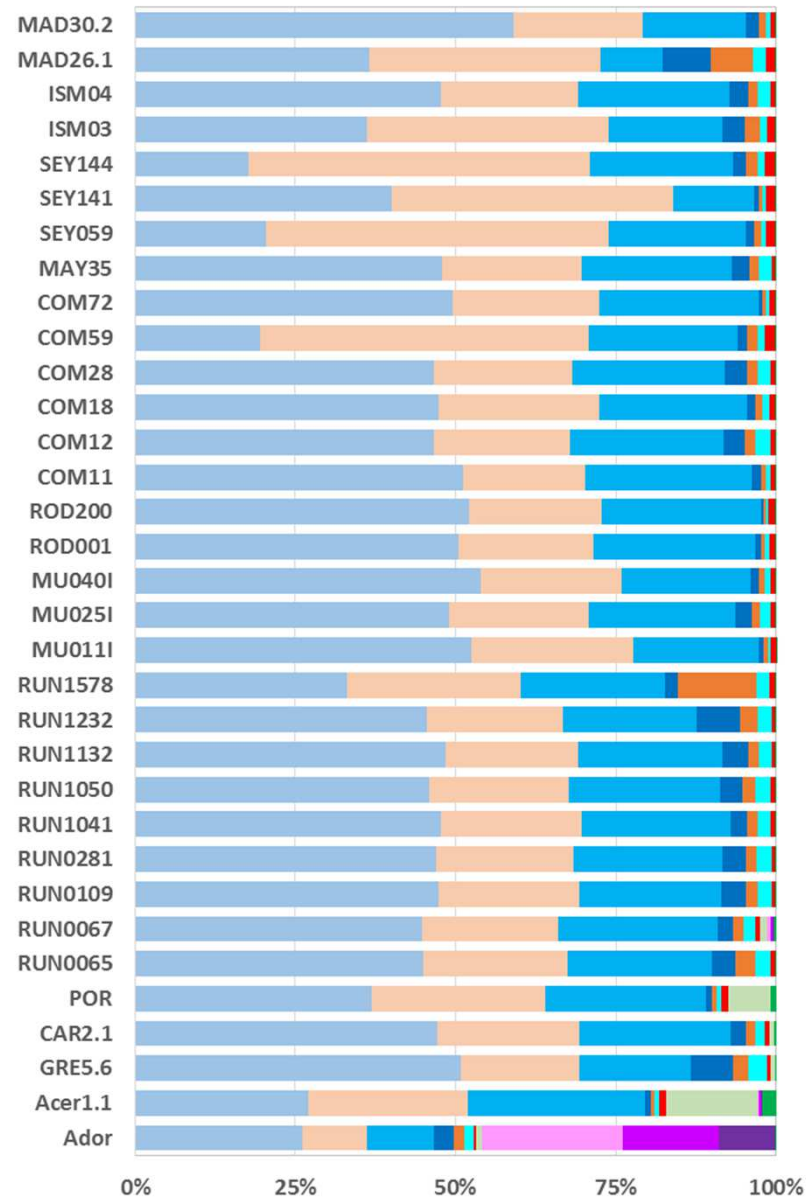
016BF (CR, AAA ATPase)



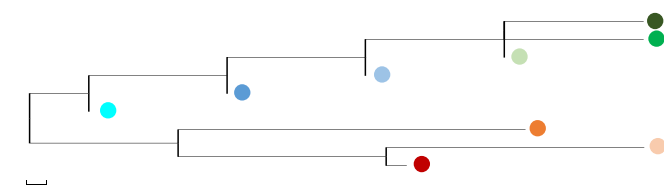
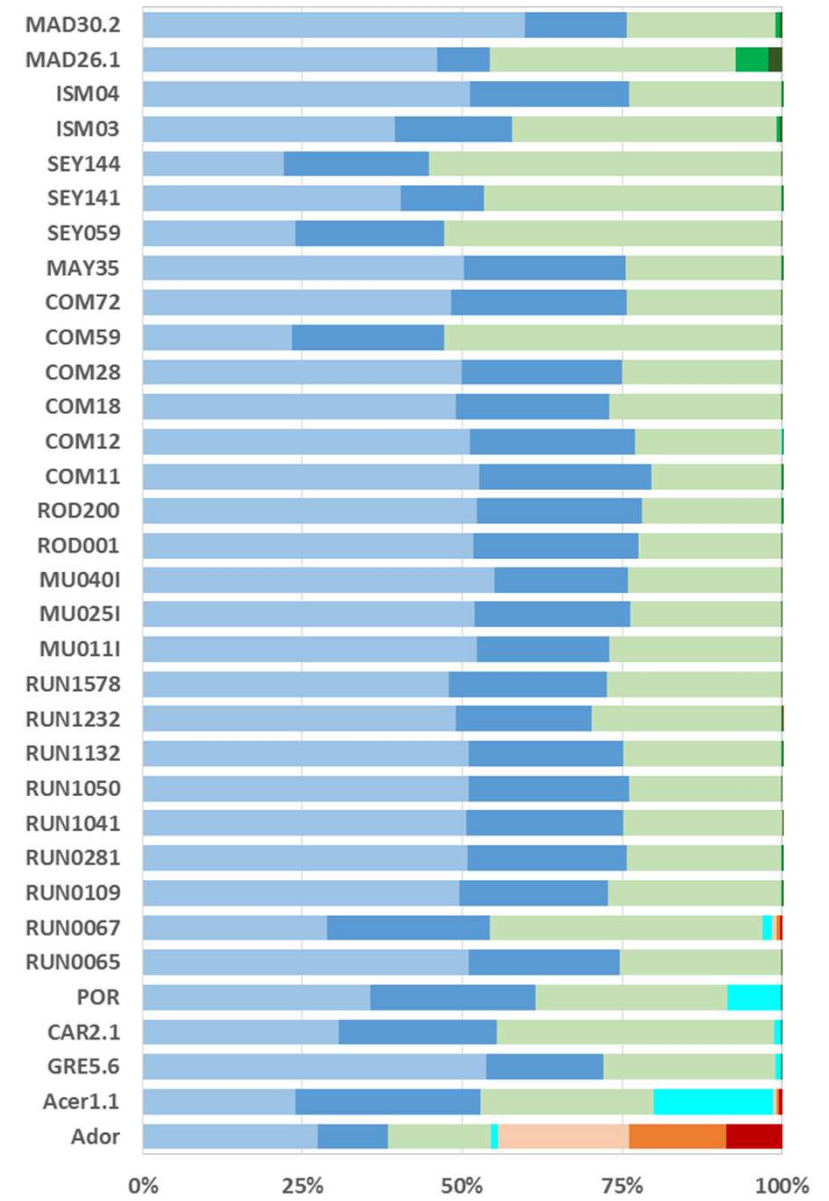
016BR (CR, AAA ATPase)



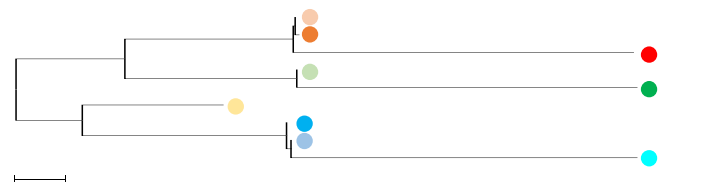
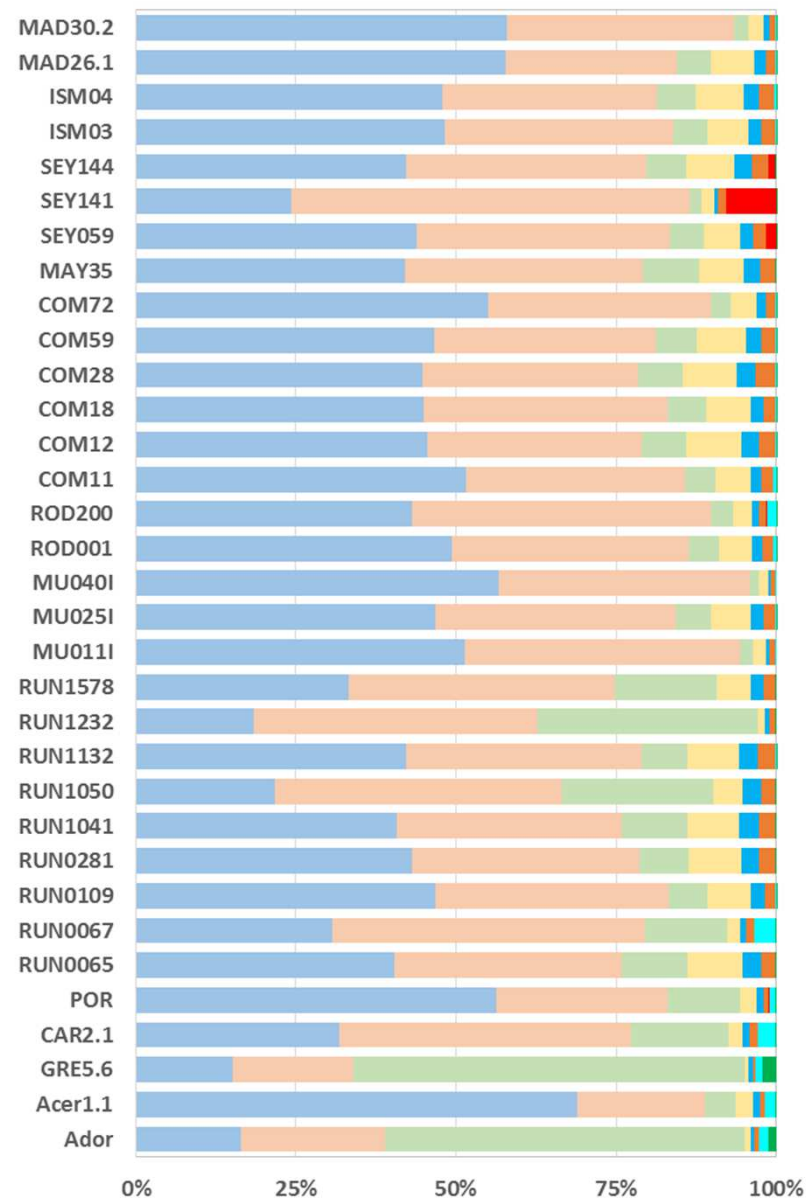
017AF (NC)



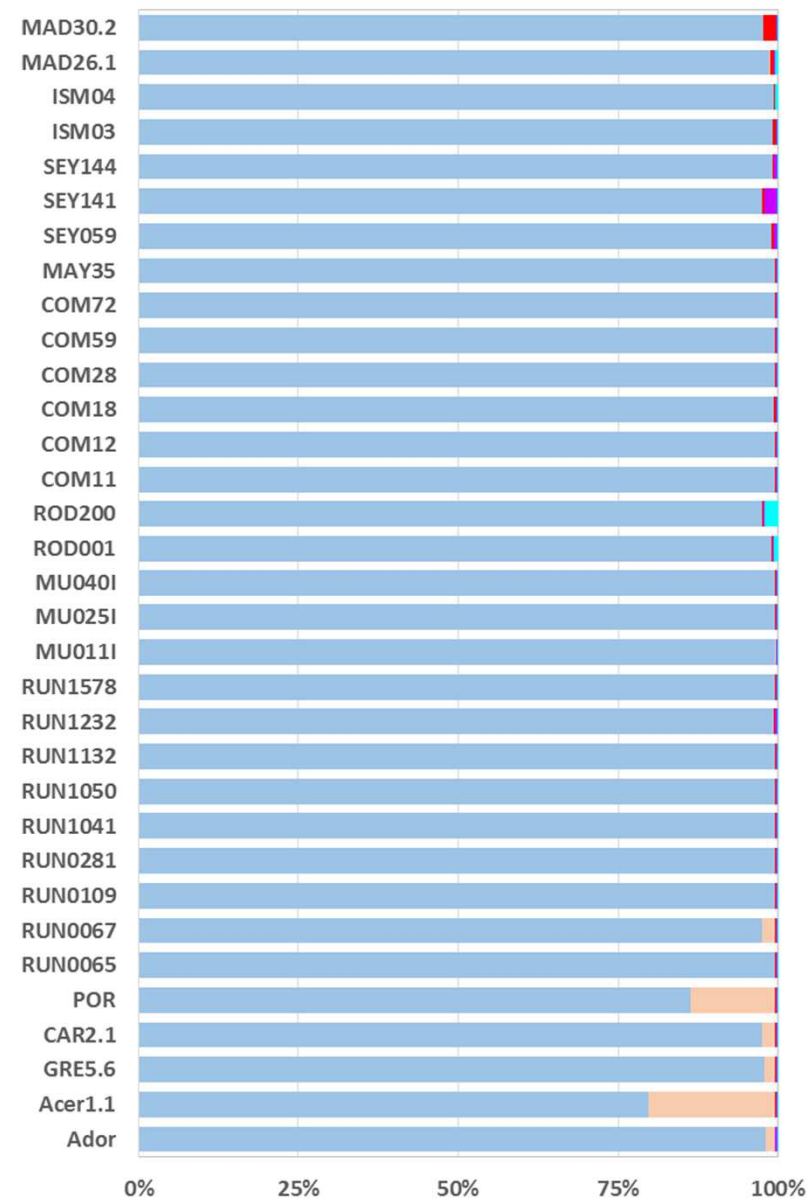
017AR (NC)



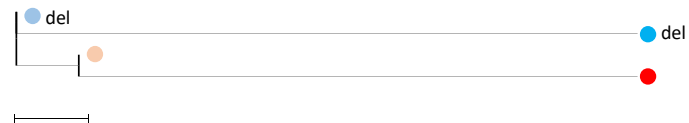
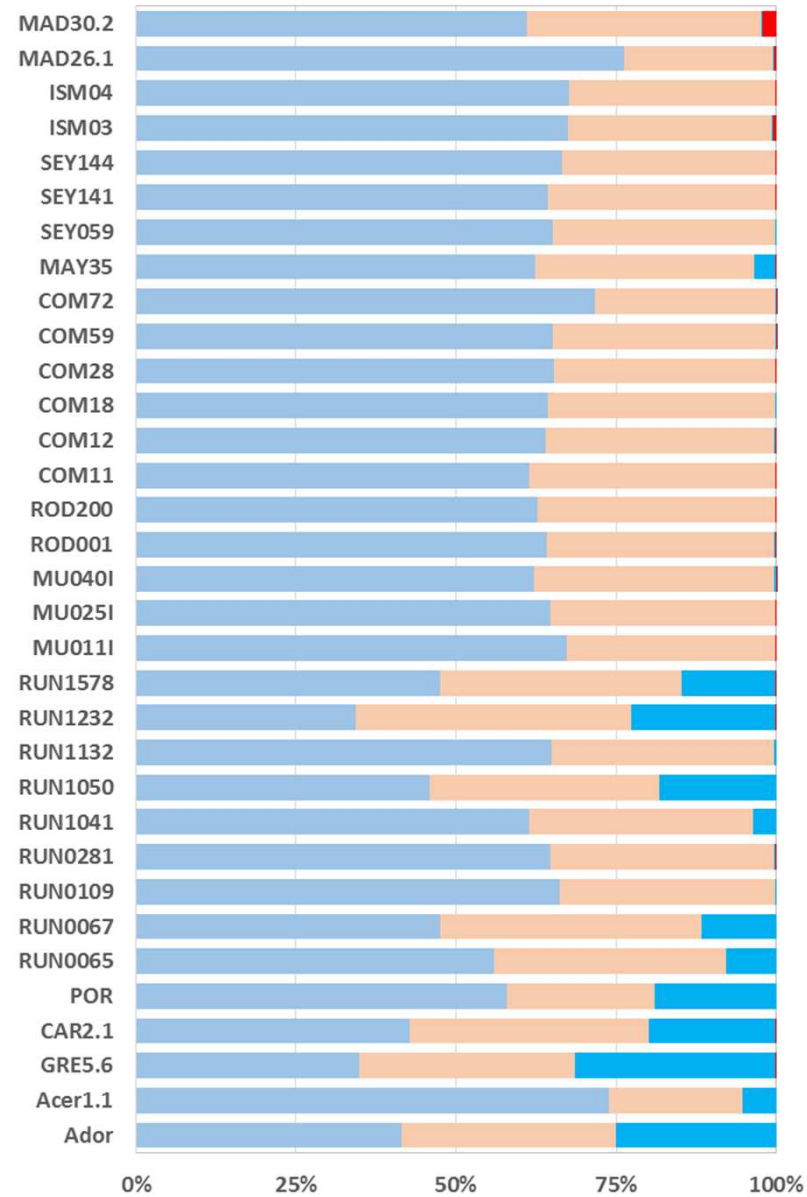
019AF (CR, transcription initiation factor subunit)



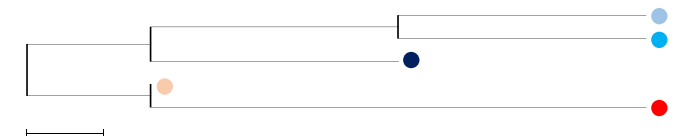
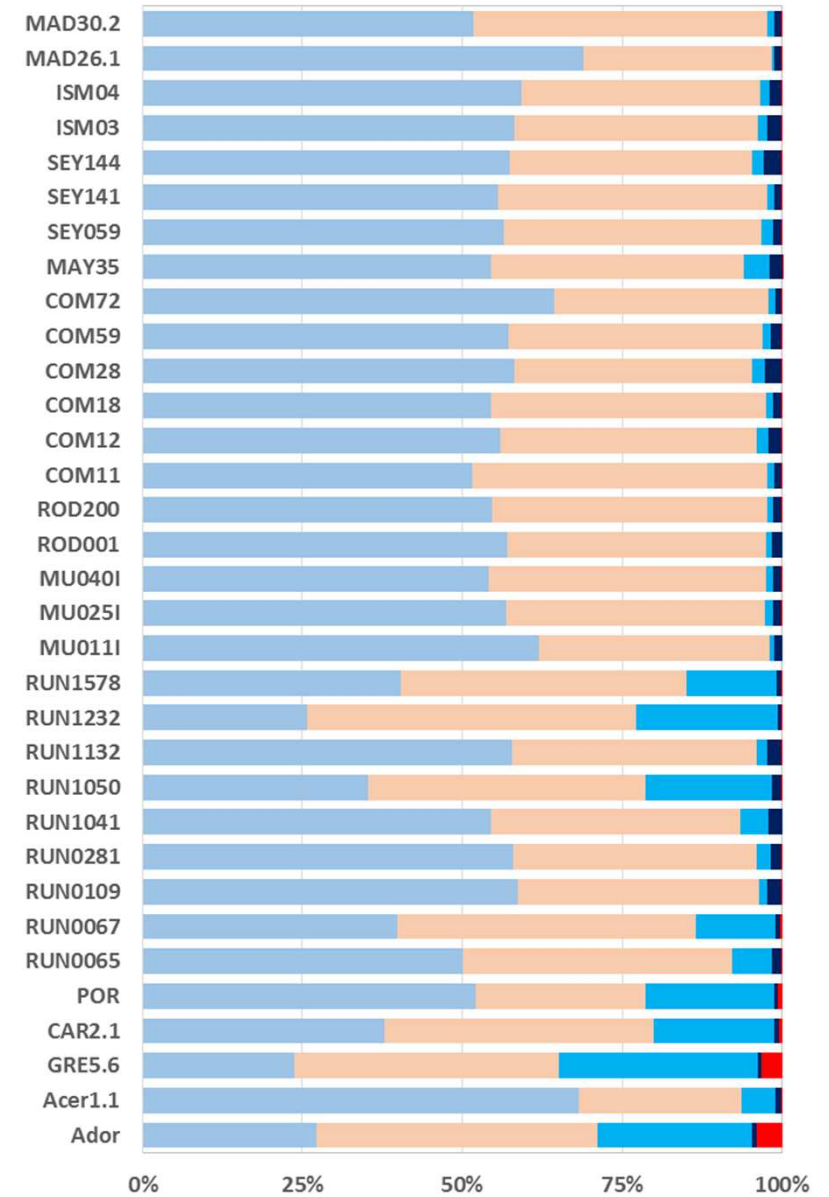
019AR (CR, transcription initiation factor subunit)



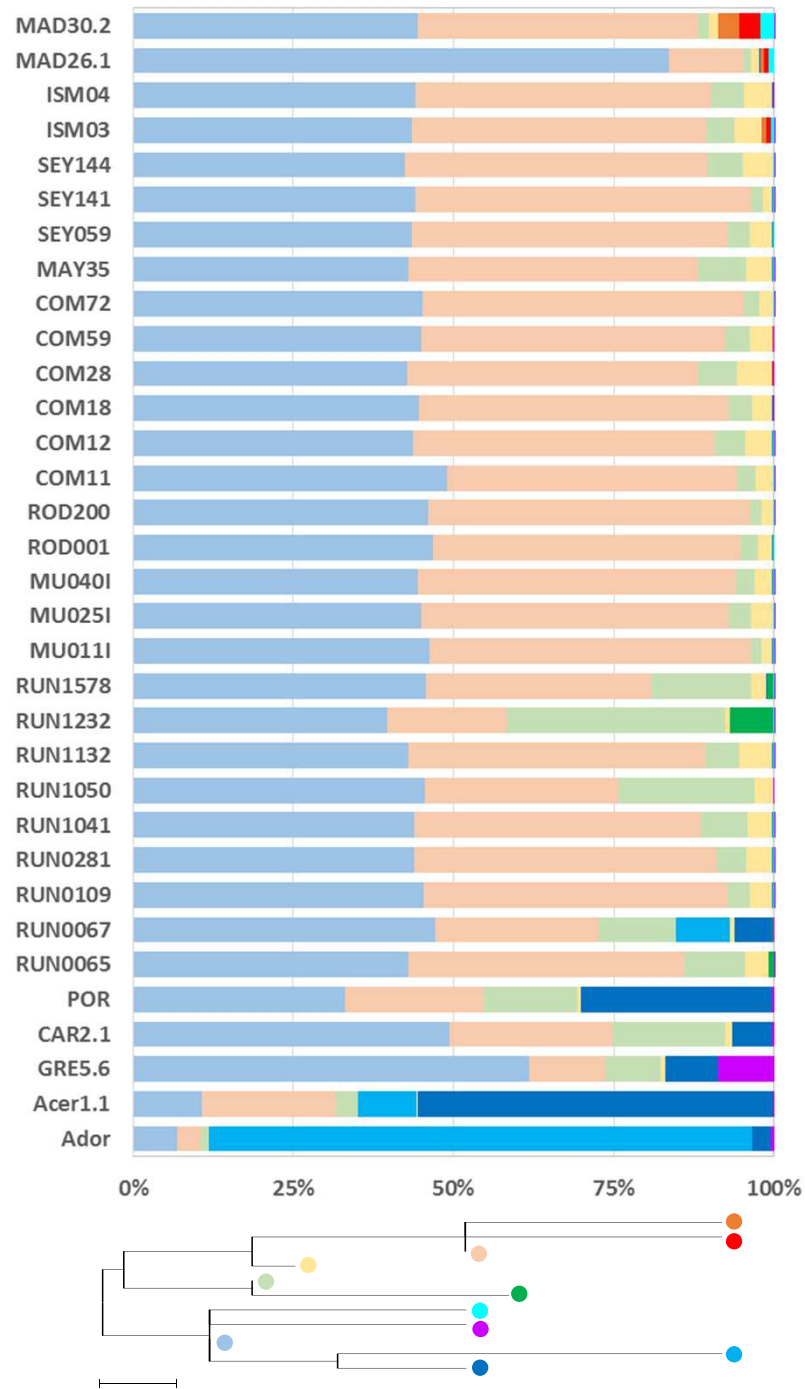
019BF (CR, polar tube protein PTP1)



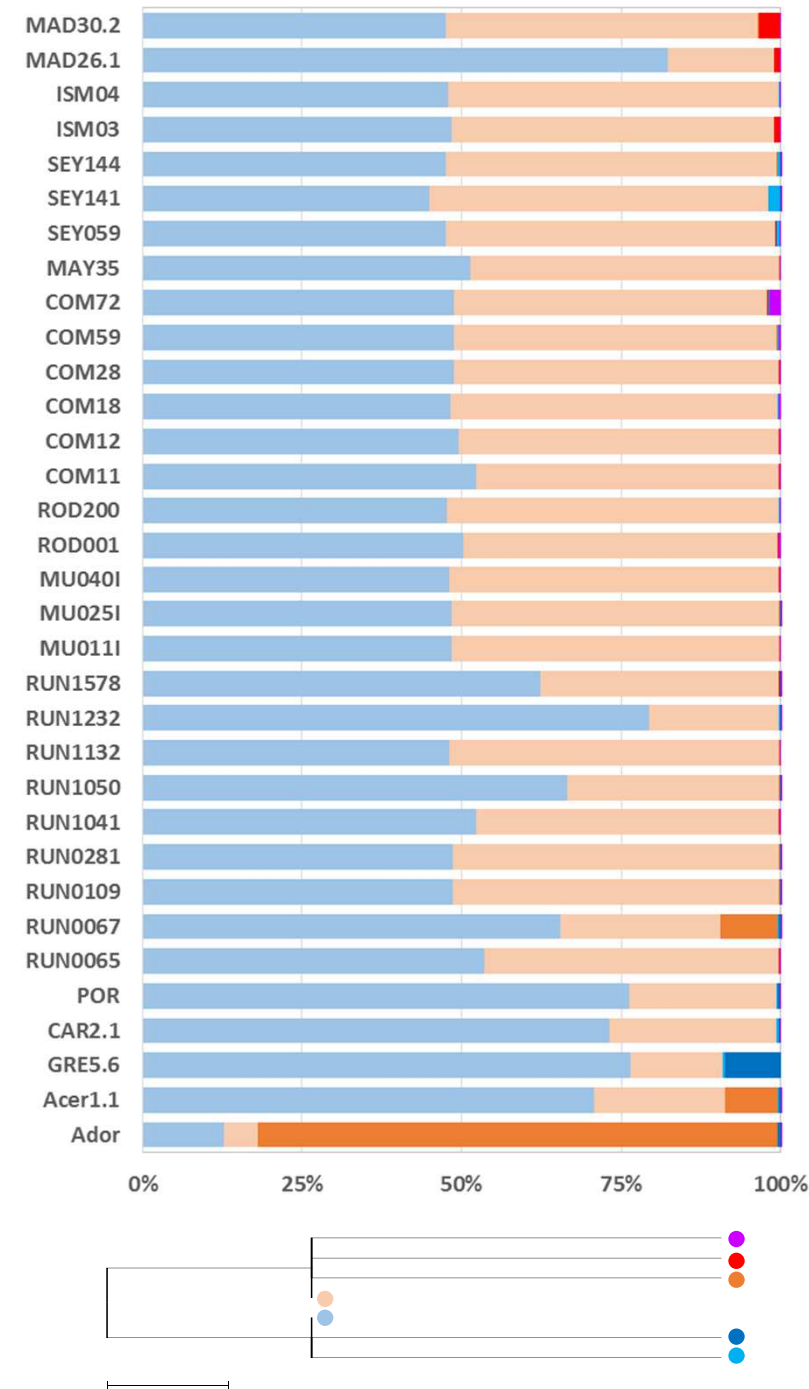
019BR (CR, polar tube protein PTP1)



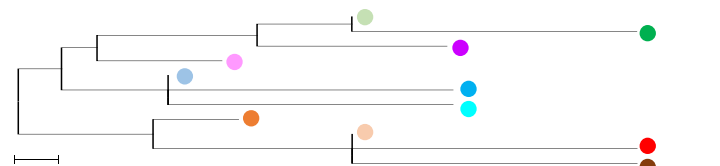
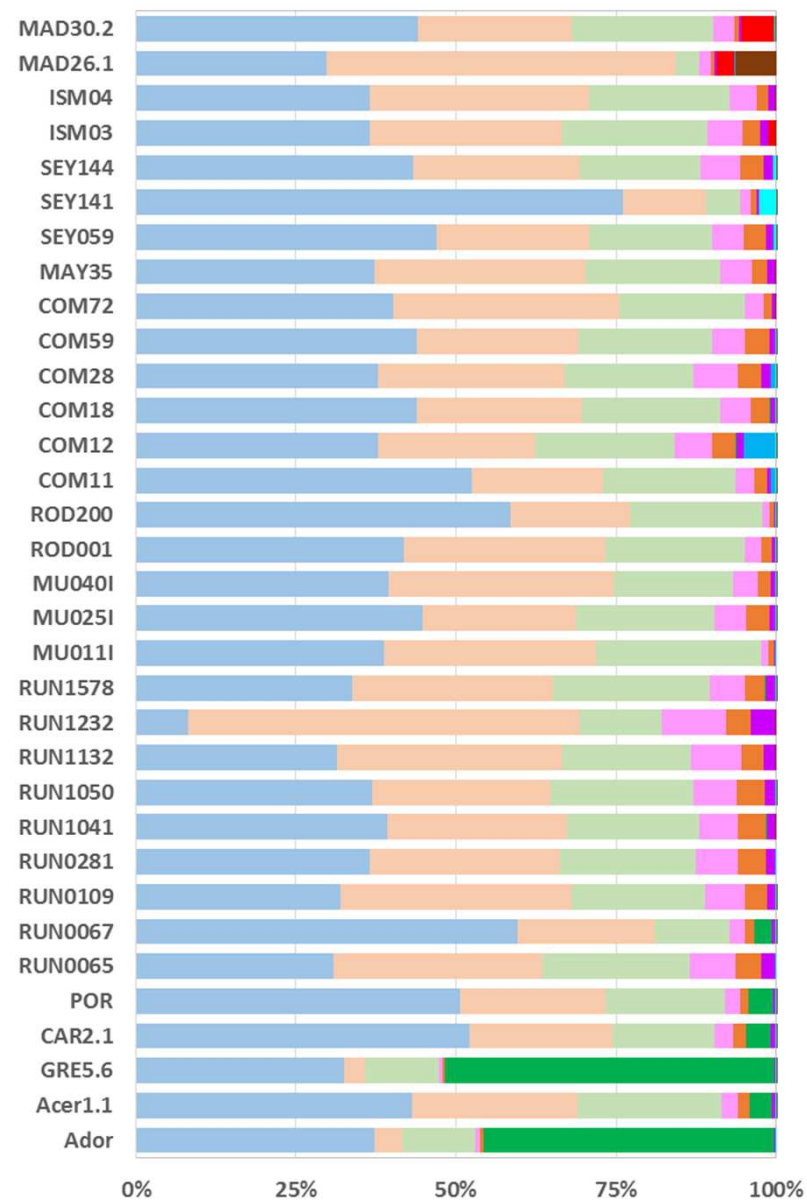
019CF (CR, polar tube protein PTP2)



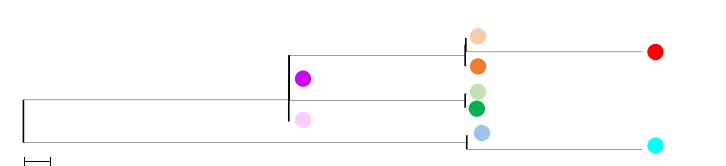
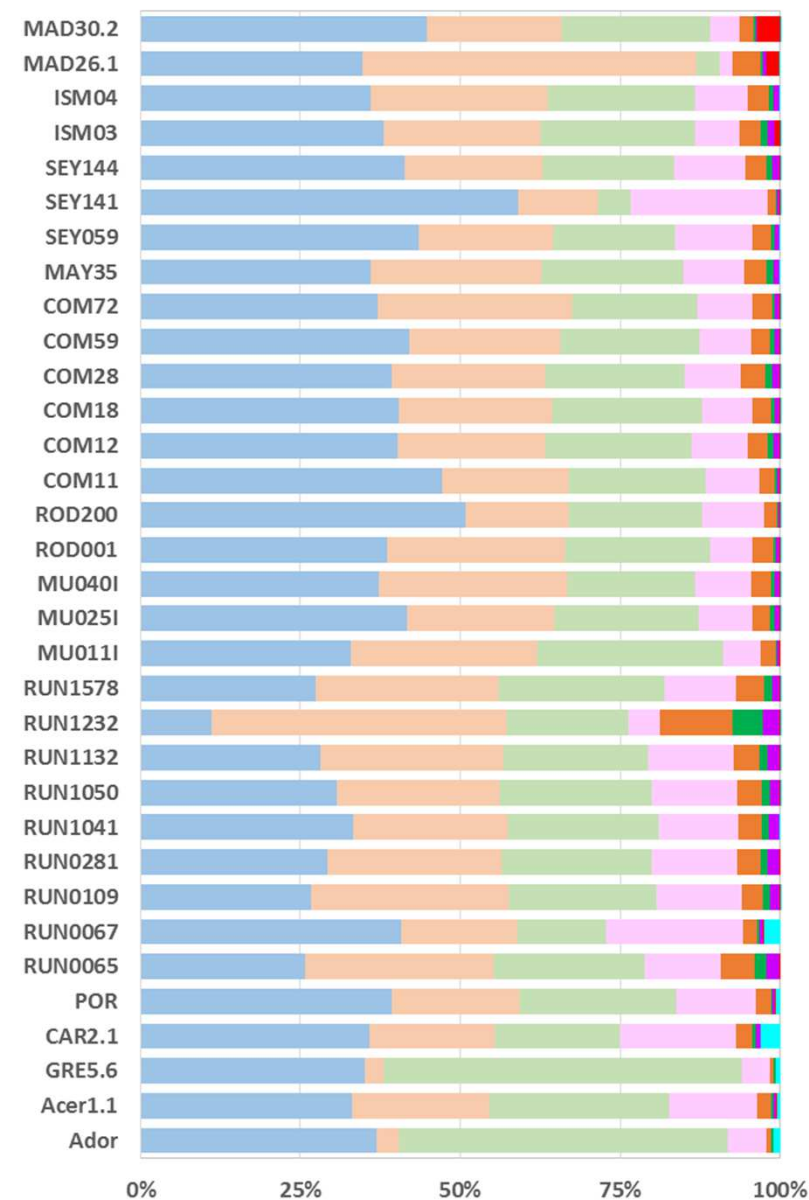
019CR (CR, polar tube protein PTP2)



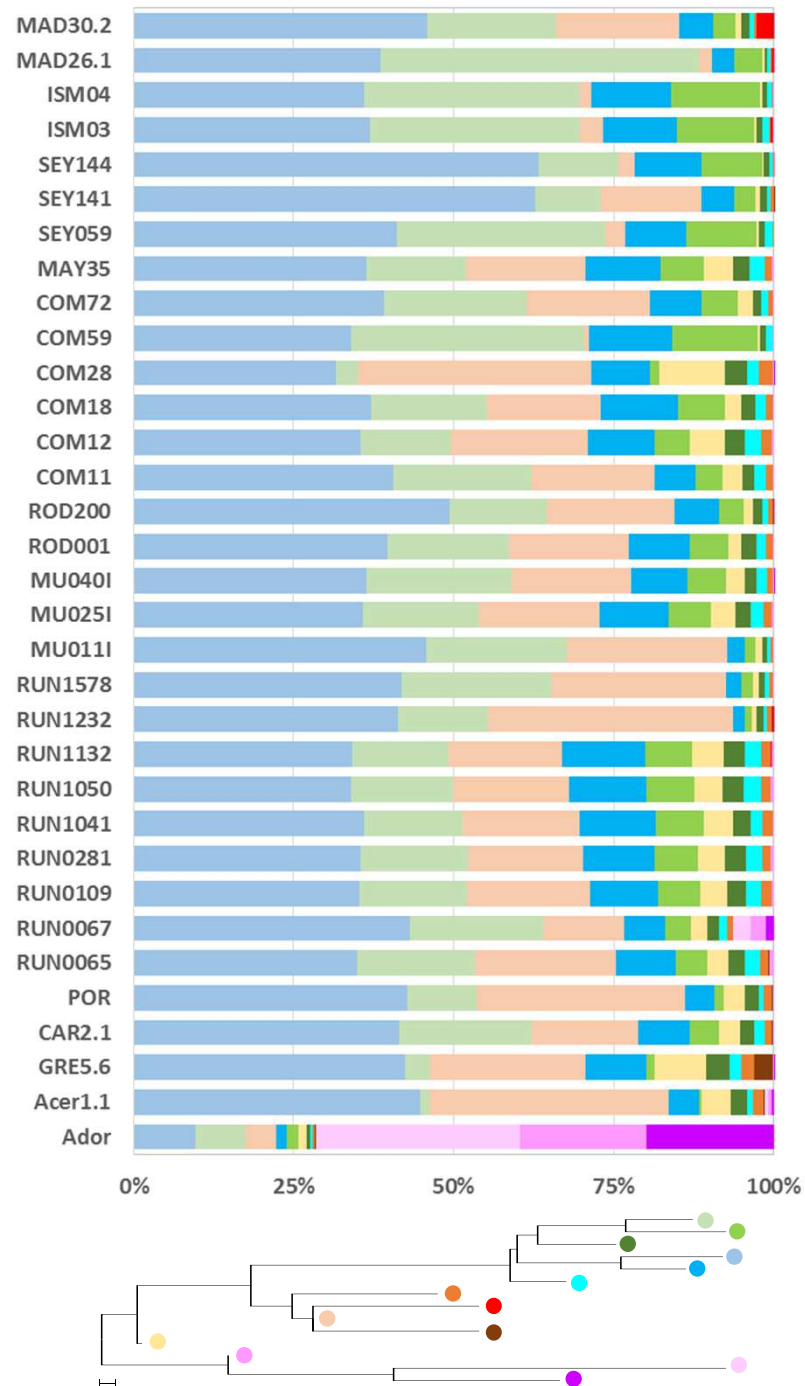
020AF (CR, in ORF AAJ76_2000058386)



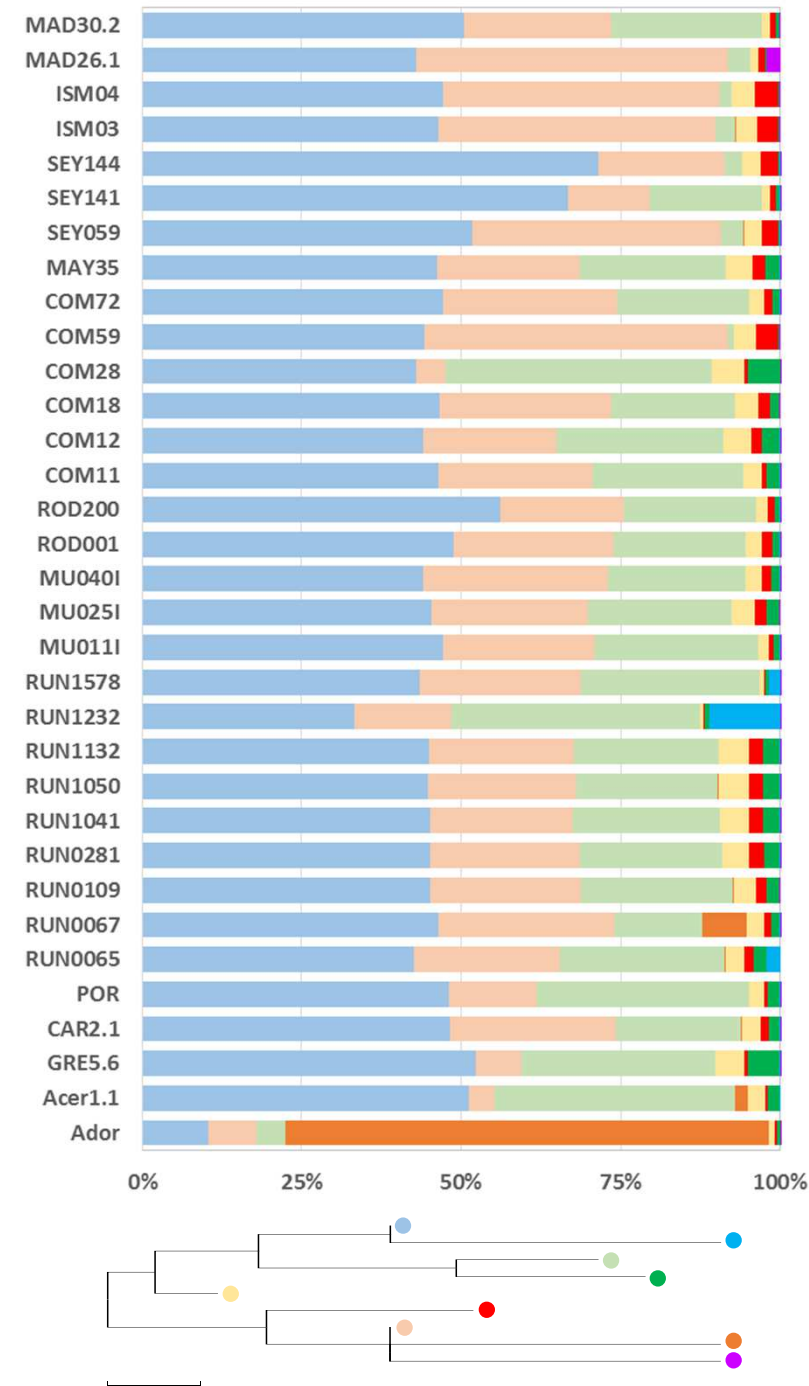
020AR (NC)



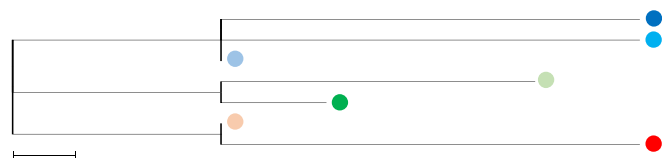
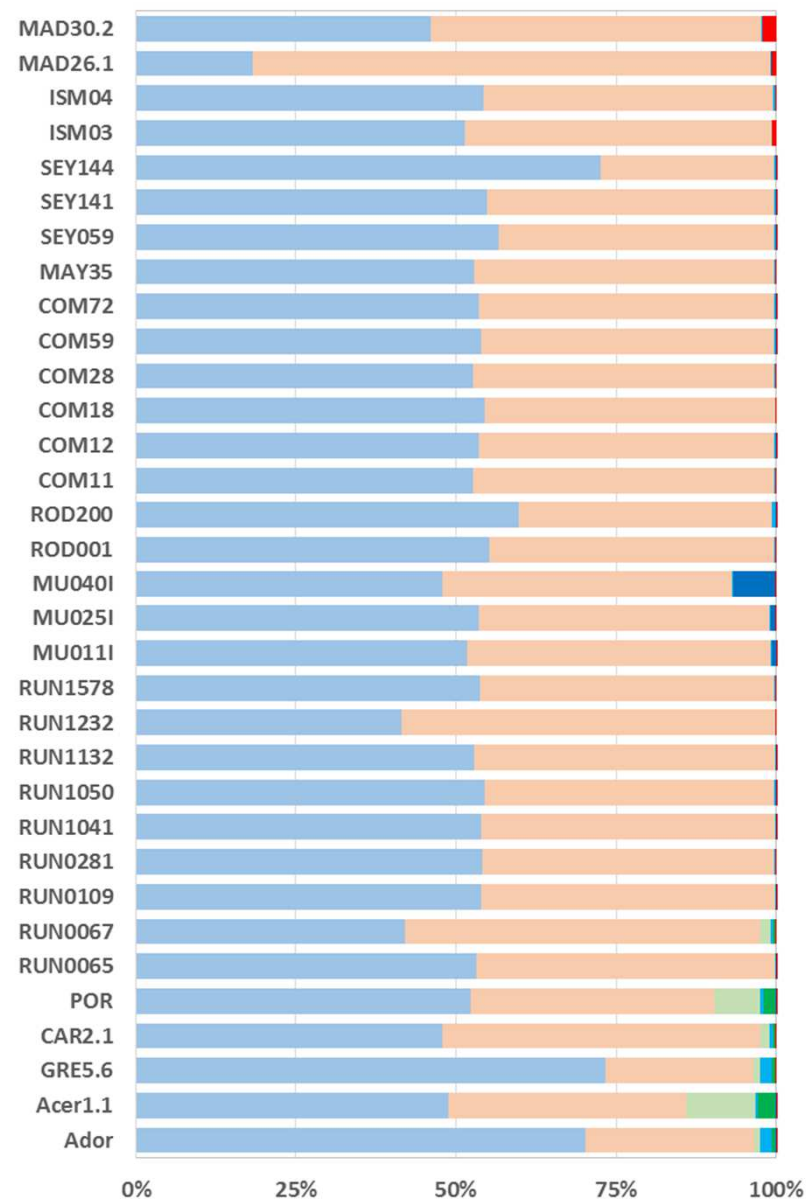
021AF (CR, Mn/Fe-superoxide dismutase)



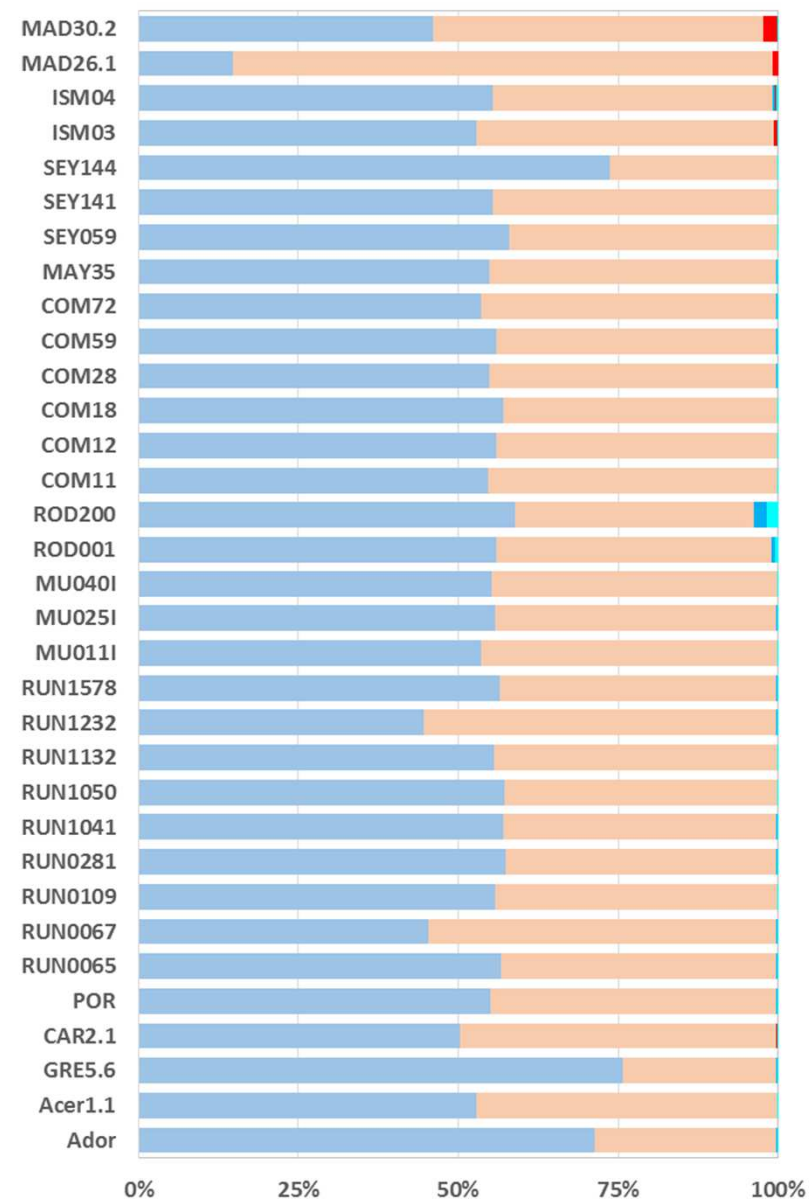
021AR (CR, Mn/Fe-superoxide dismutase)



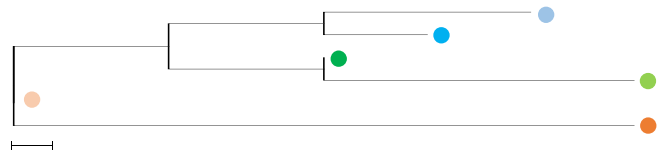
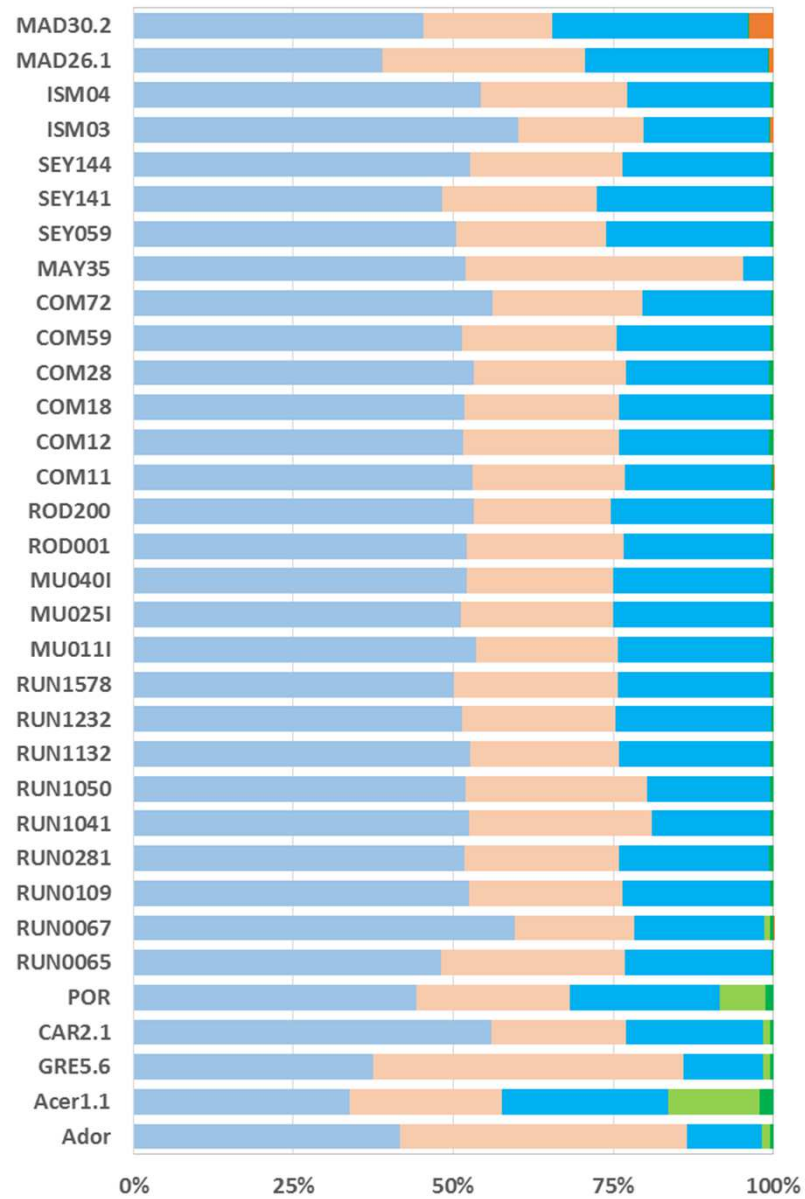
021BF (CR, RNA polymerase II largest subunit RPB1)



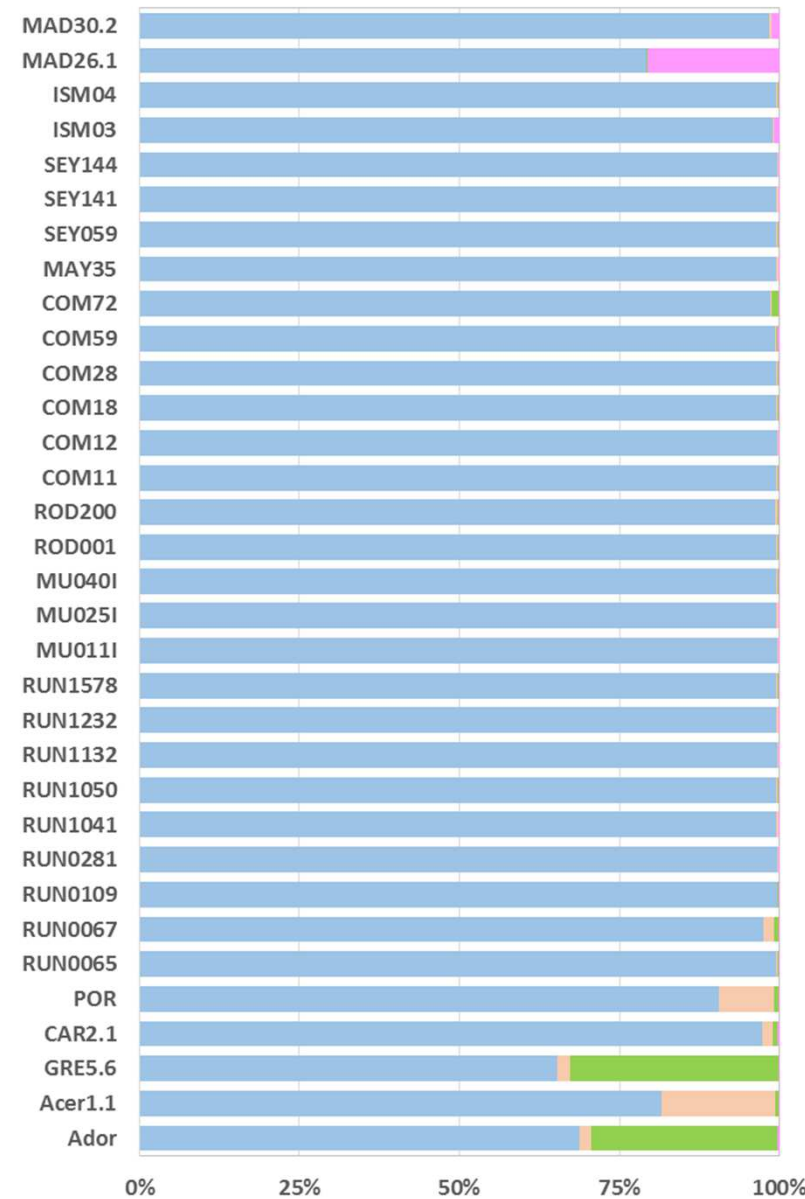
021BR (CR, RNA polymerase II largest subunit RPB1)



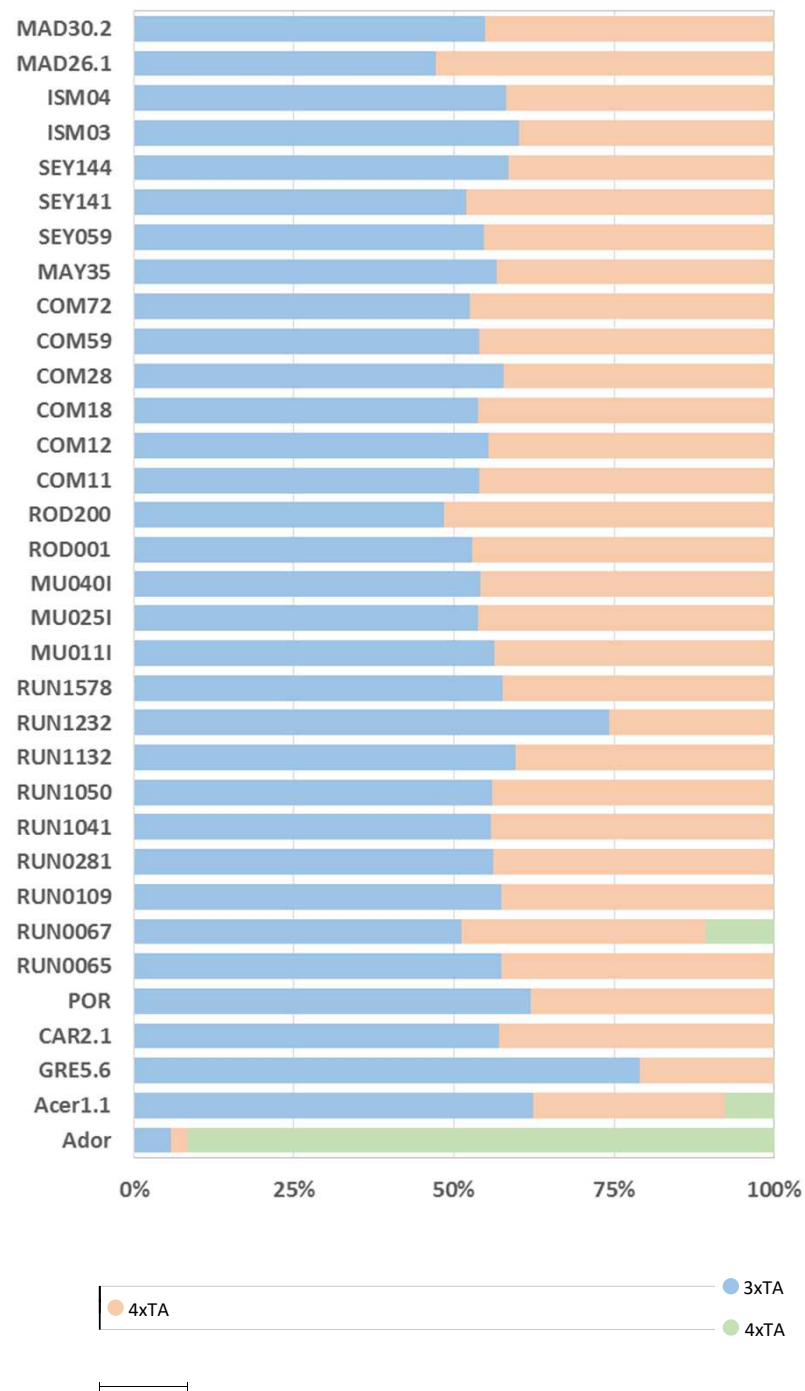
025AF (CR, Asn synthetase)



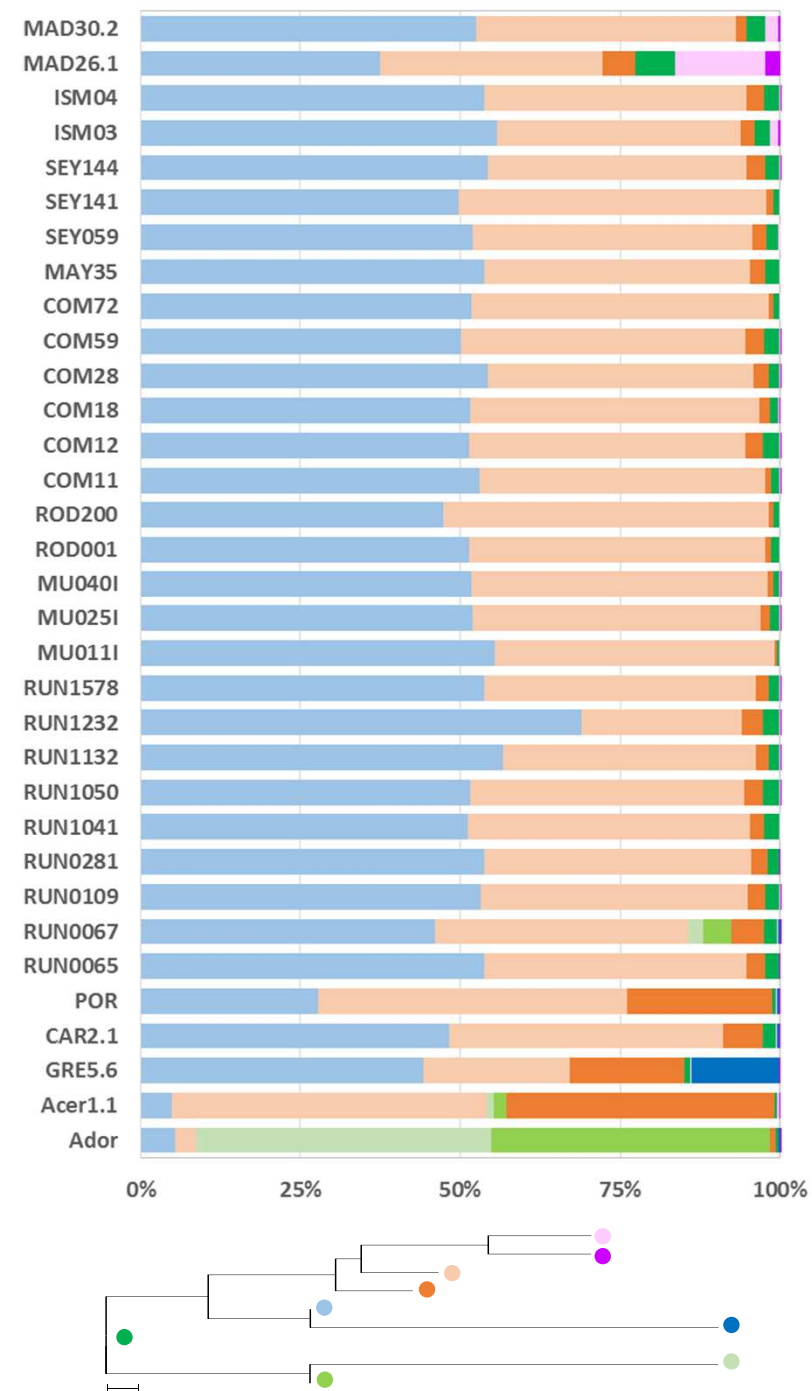
025AR (CR, Asn synthetase)



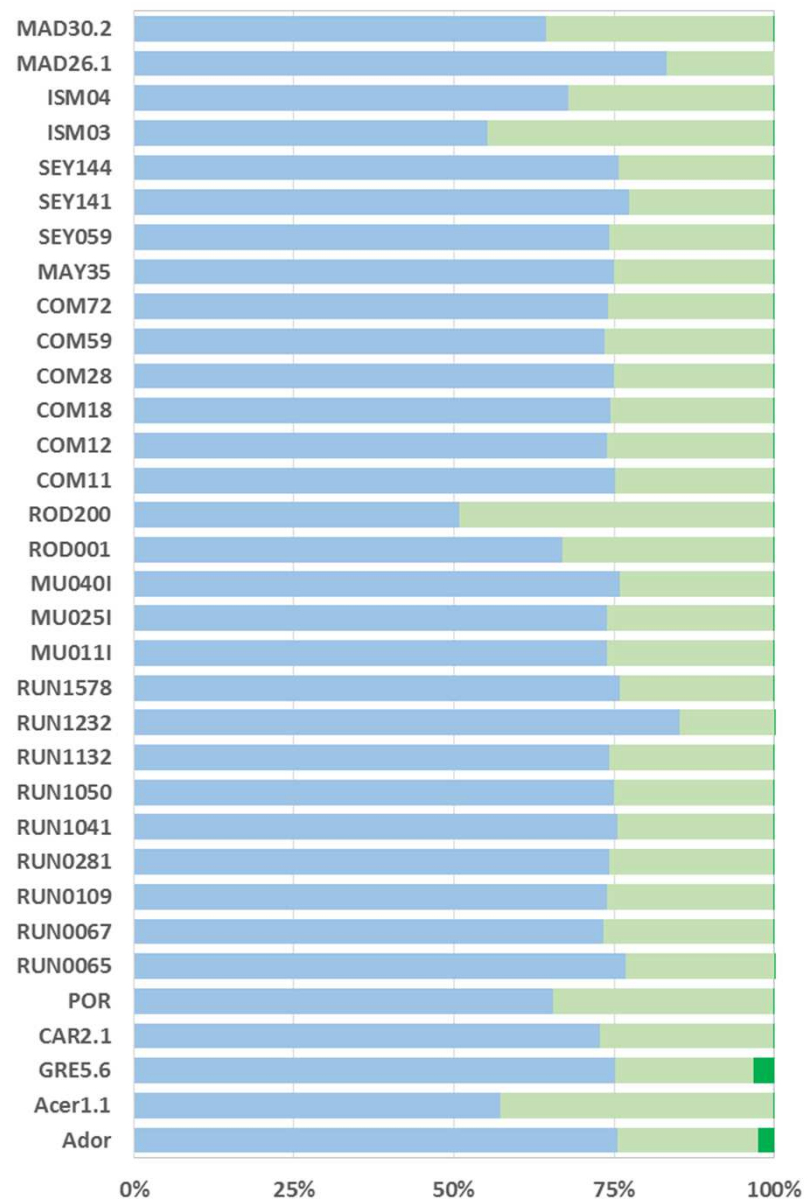
034AF (NC)



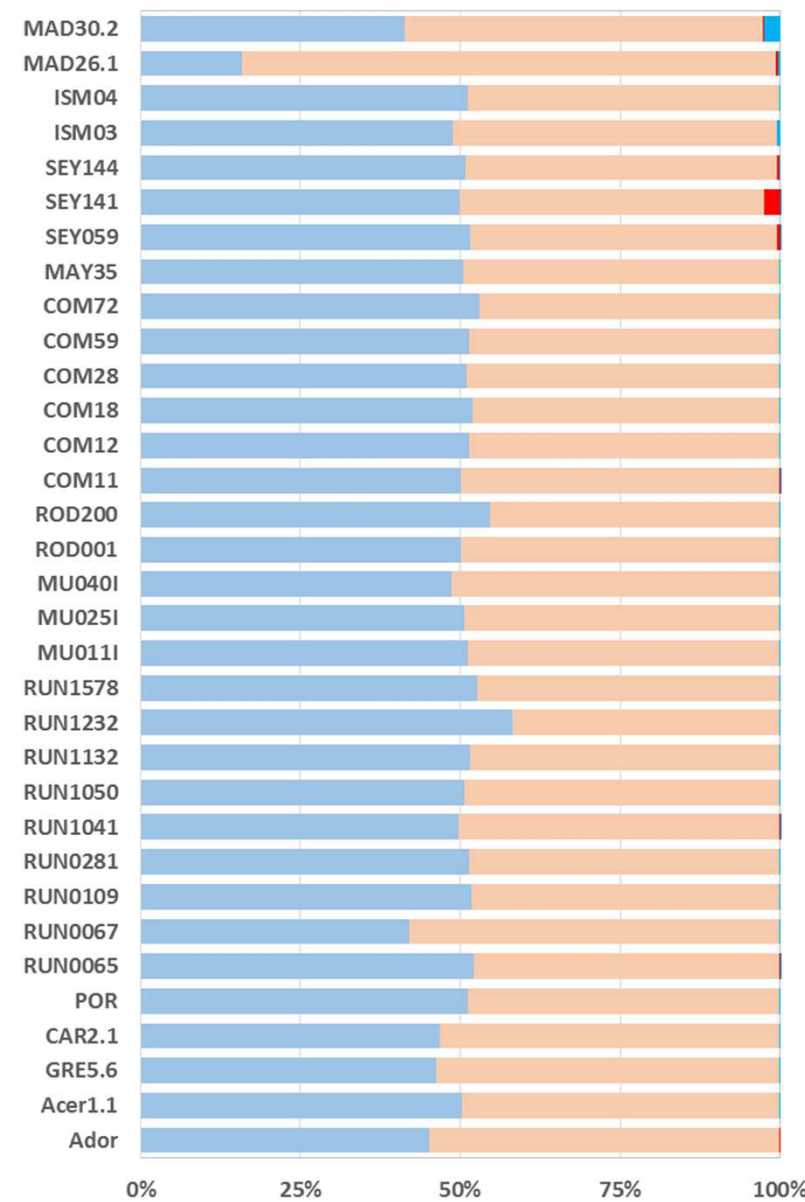
034AR (CR, in ORF AAJ76_3400023038)



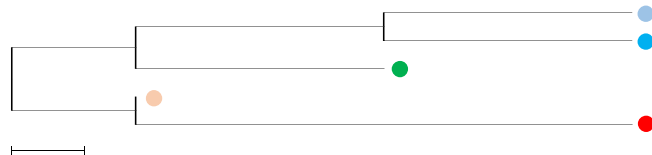
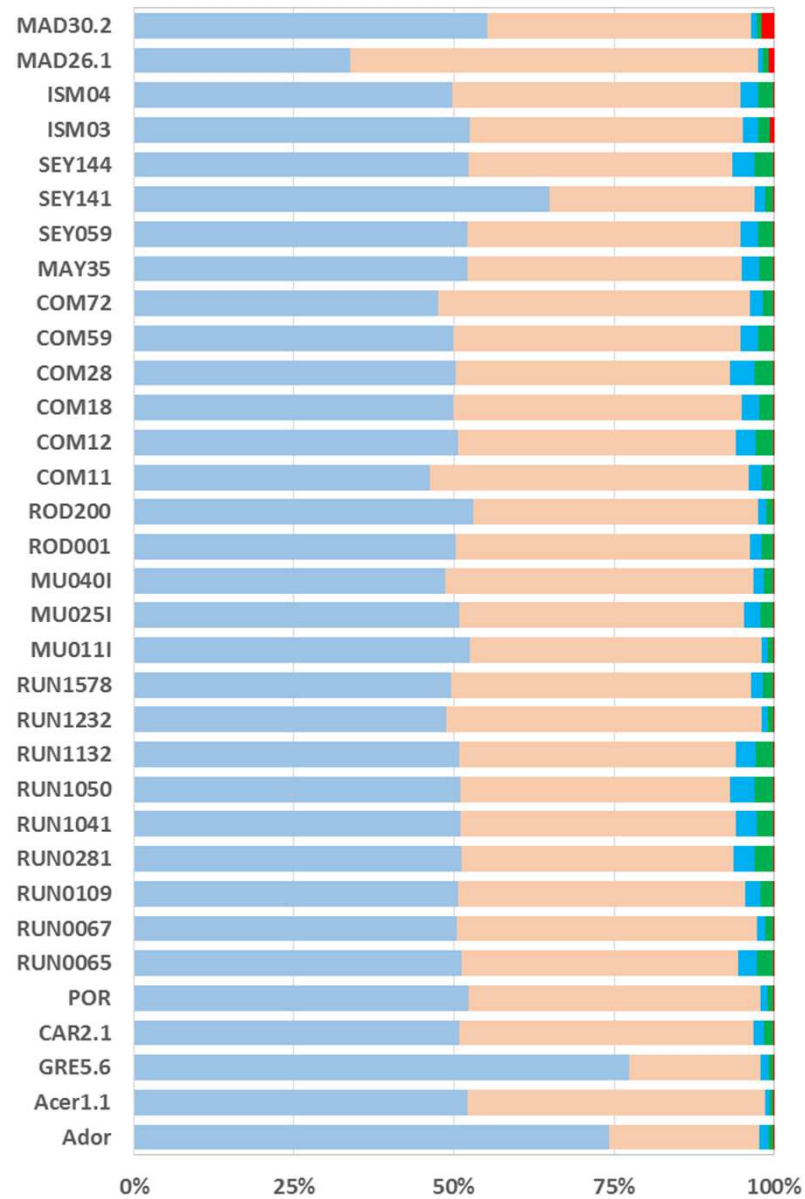
036AF (CR, alpha-tubulin)



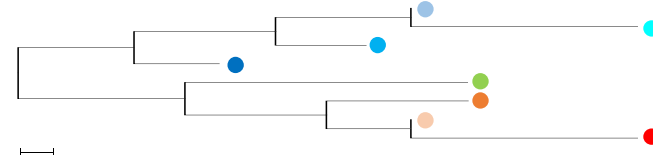
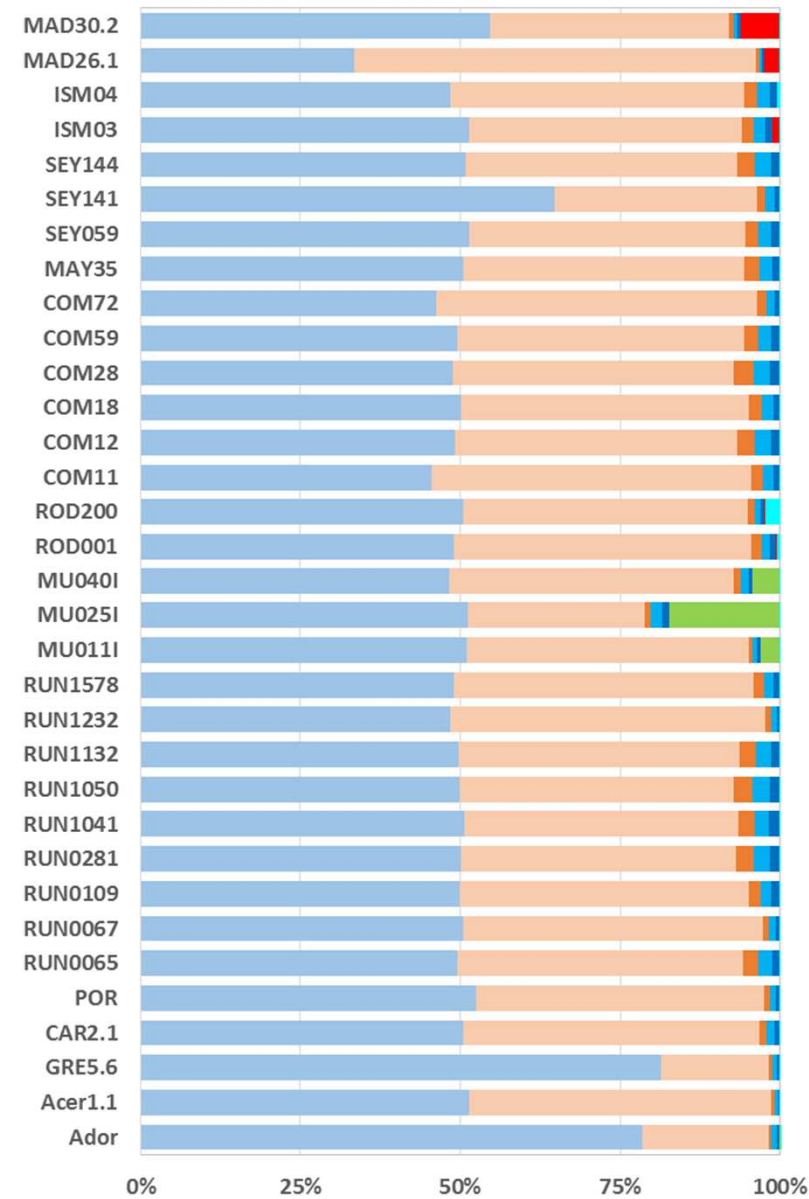
036AR (CR, alpha-tubulin)



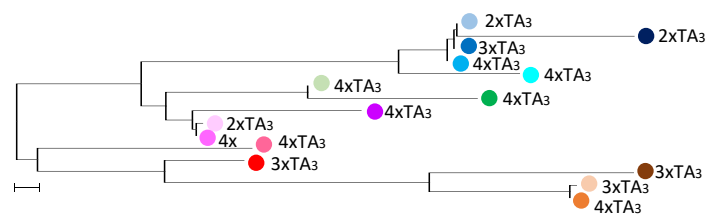
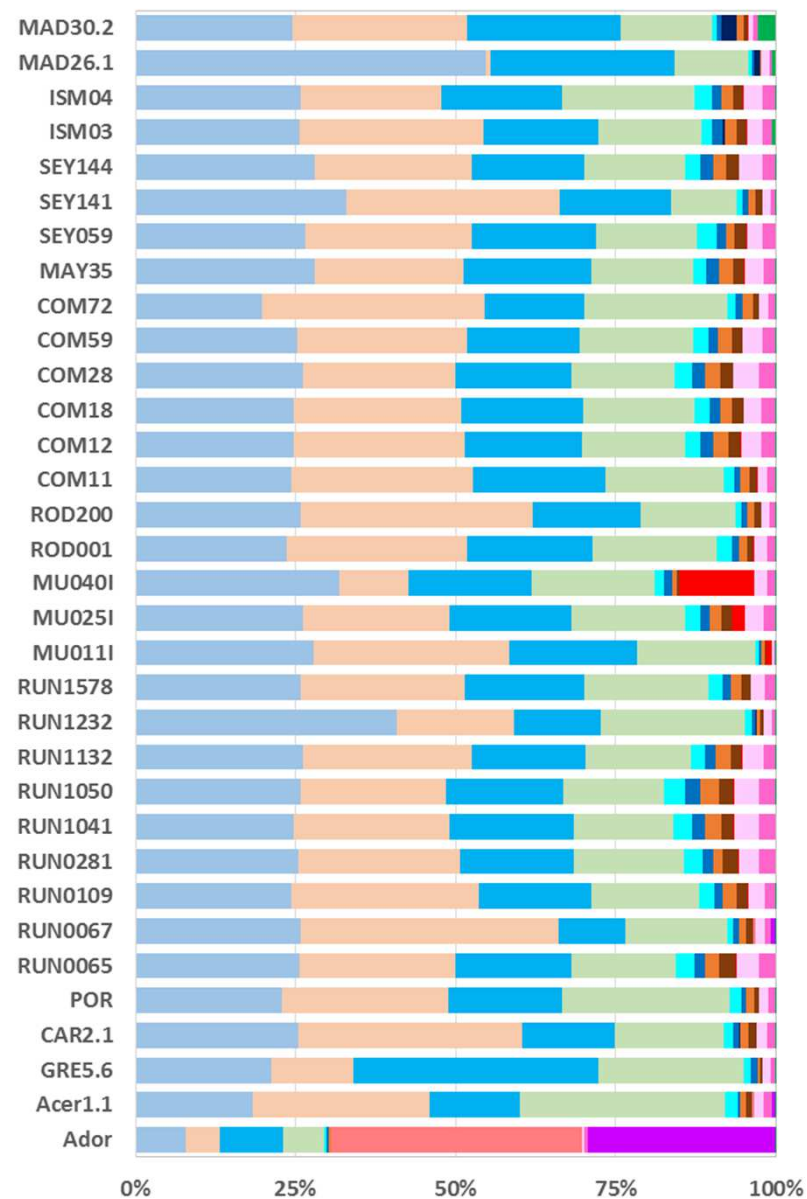
041AF (CR, hexokinase)



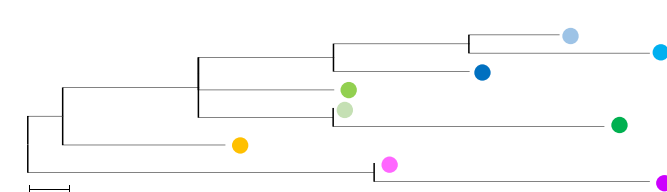
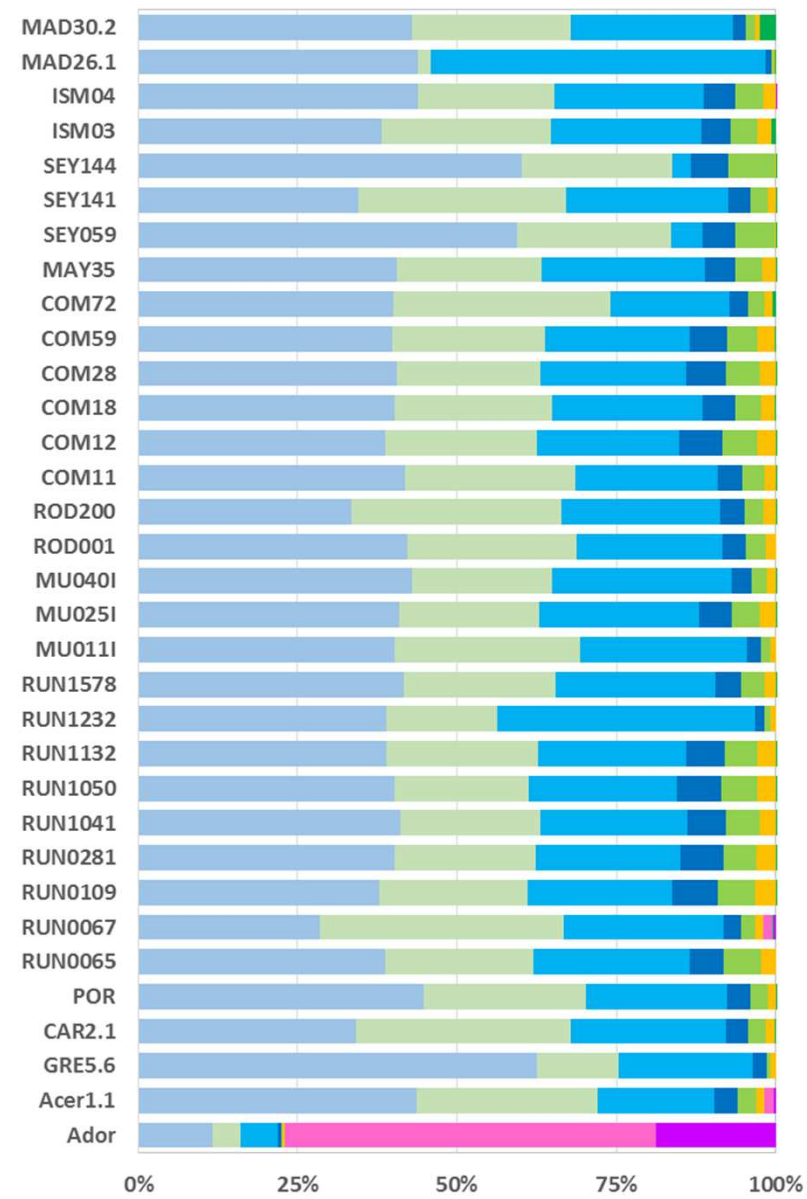
041AR (CR, hexokinase)



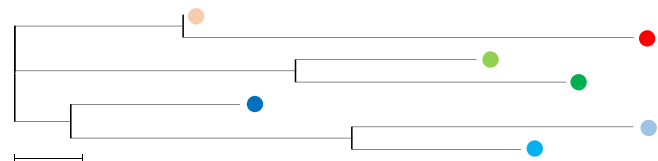
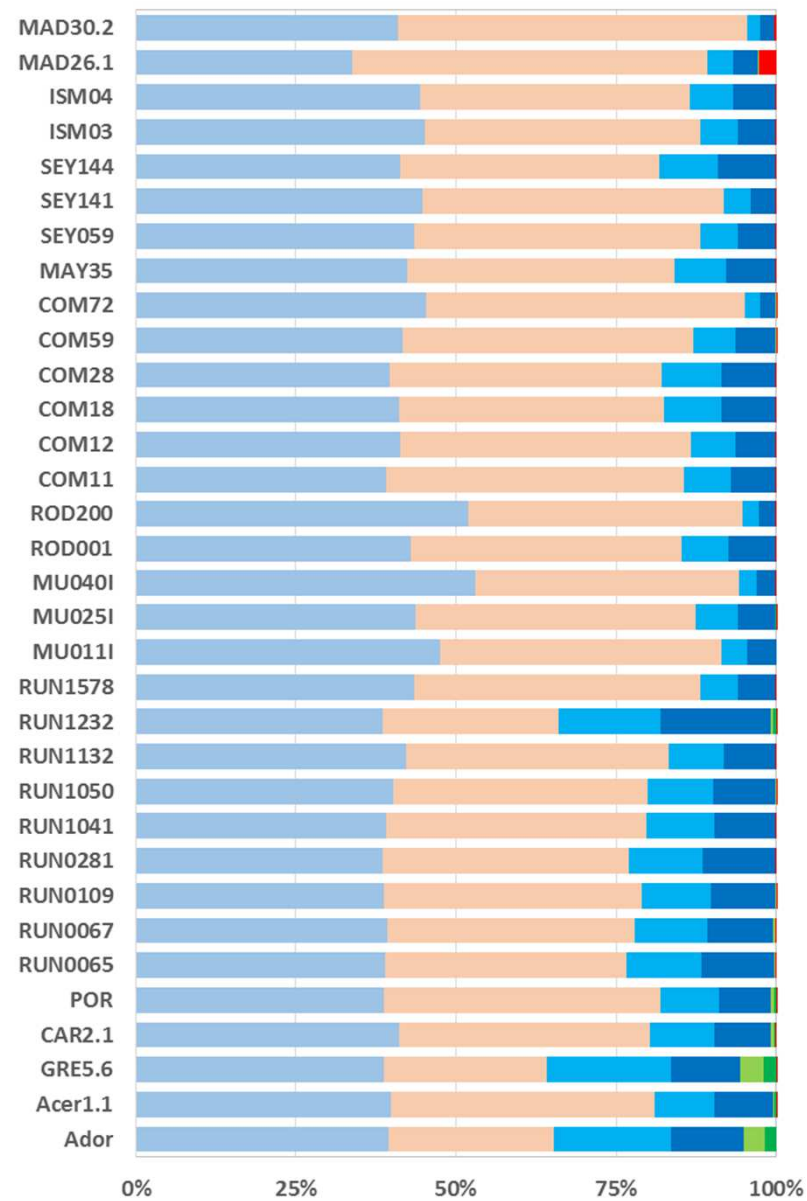
043AF (MS)



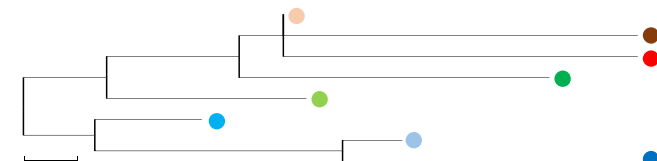
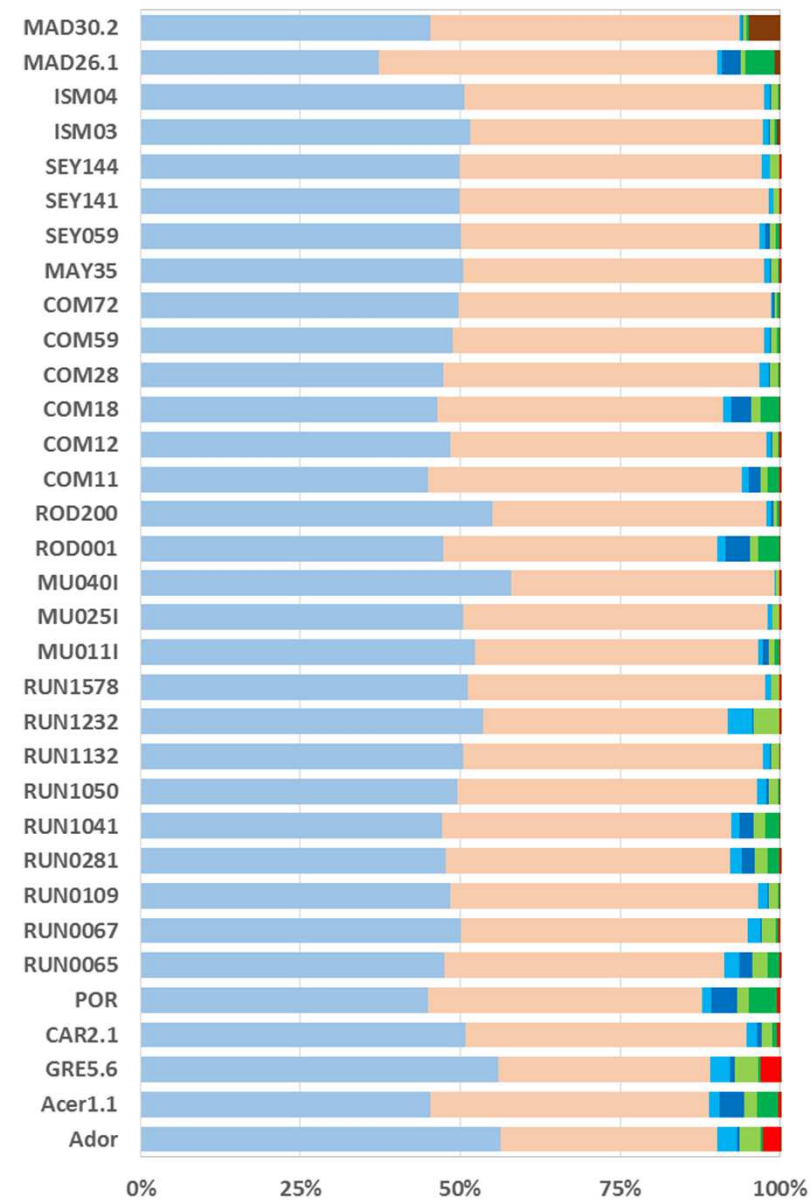
043AR (NC)



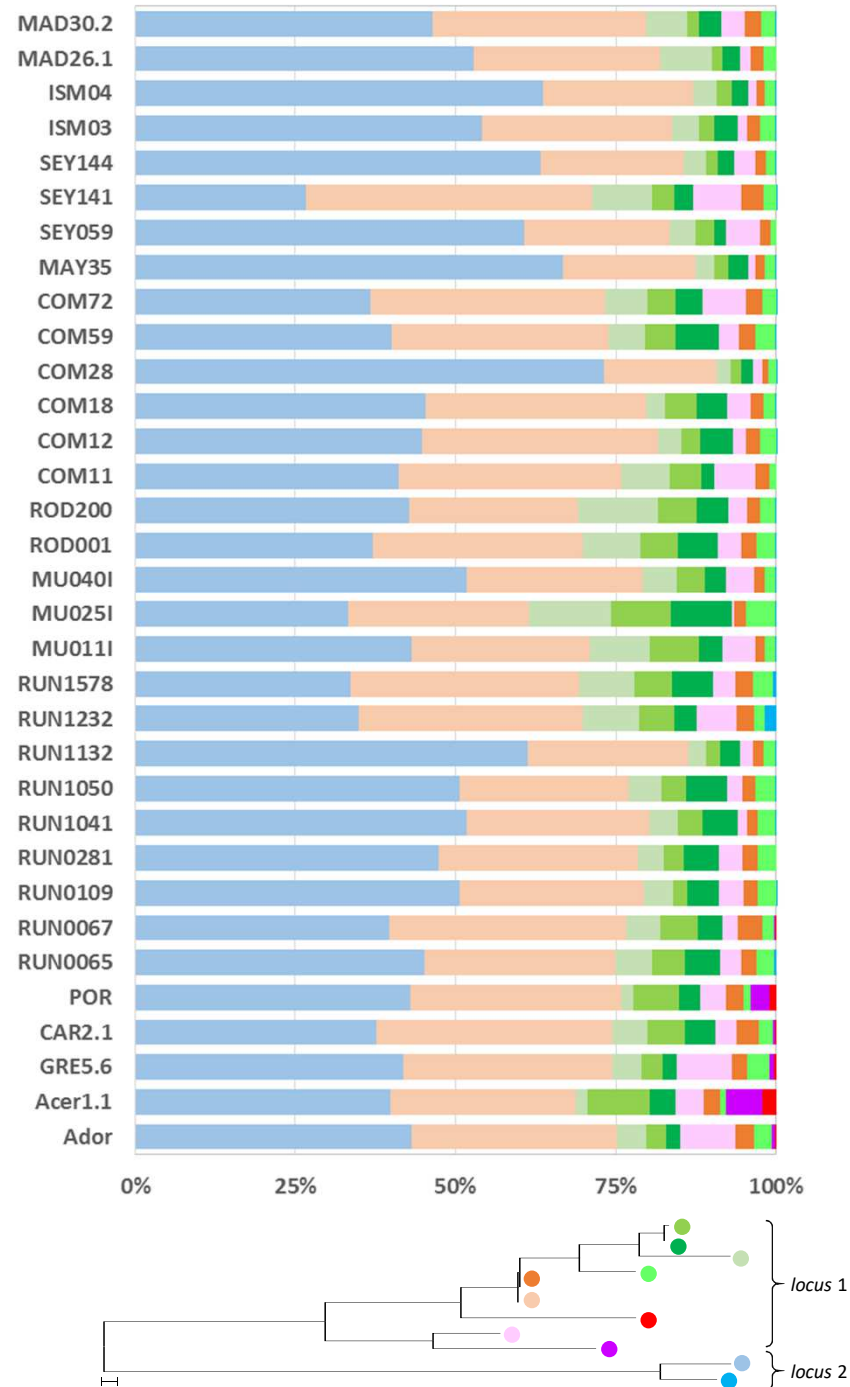
049AF (CR, heat shock protein 70)



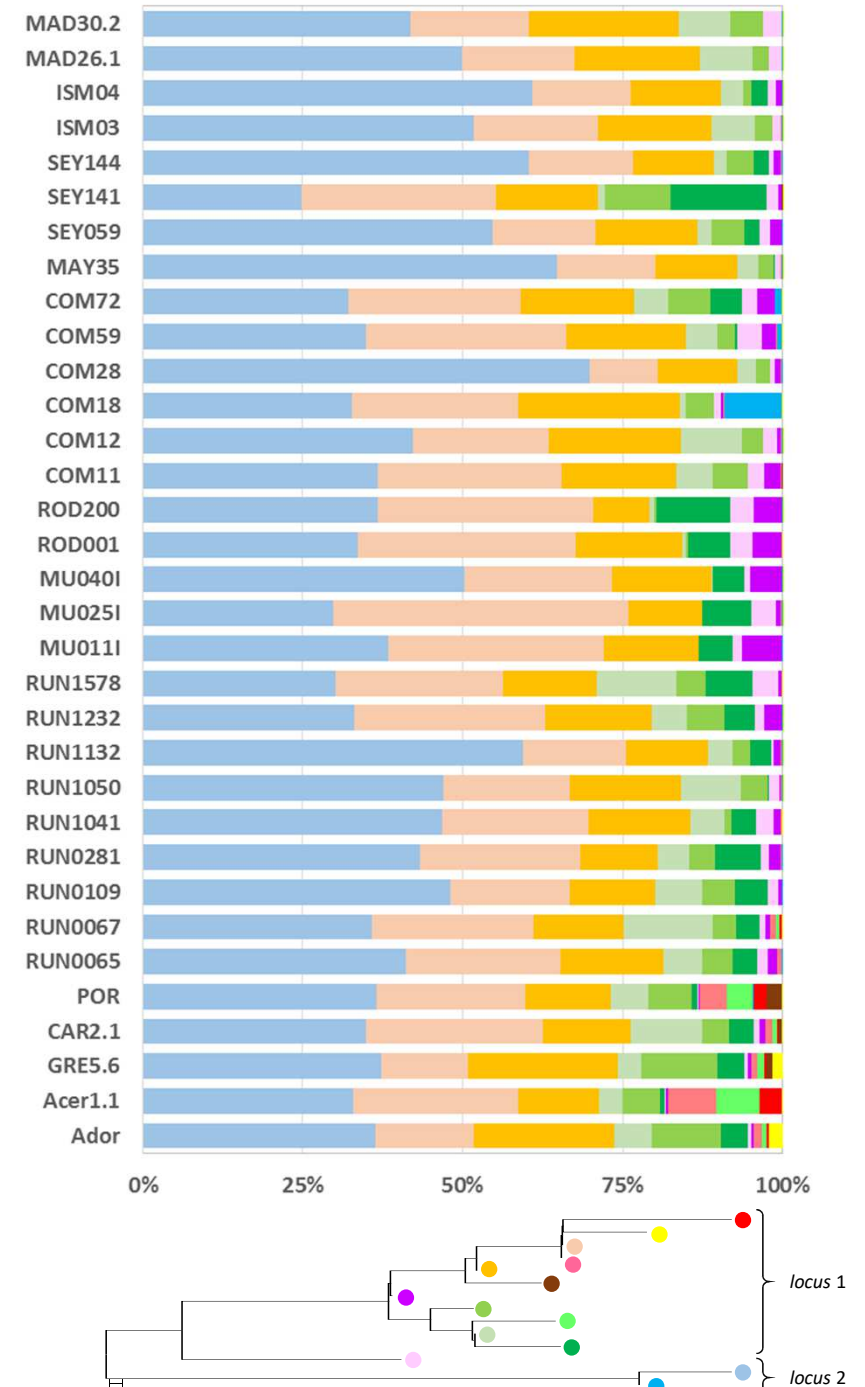
049AR (CR, heat shock protein 70)



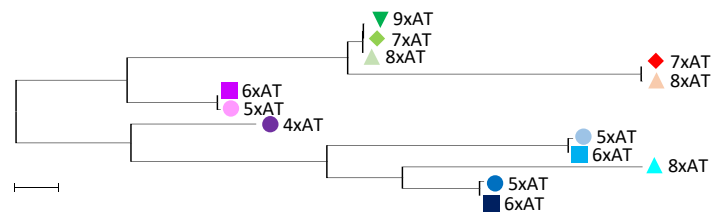
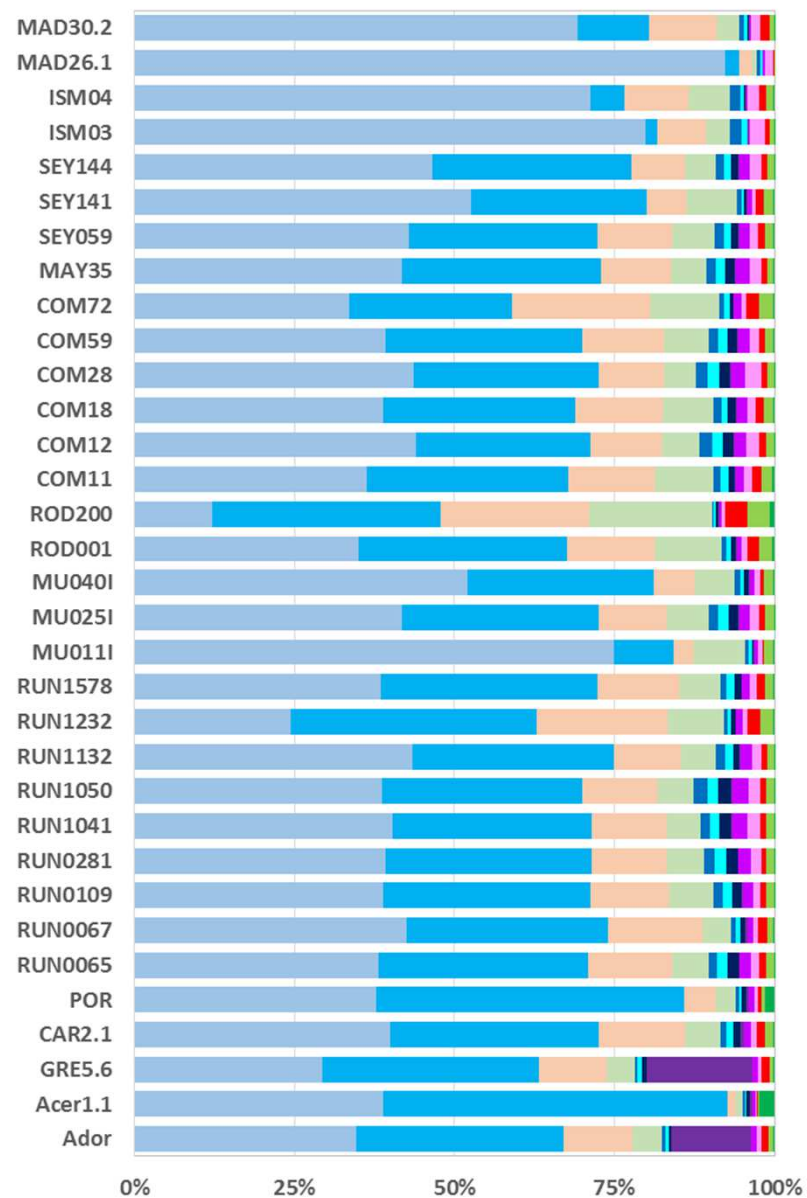
052AF (2 loci : MS and NC)



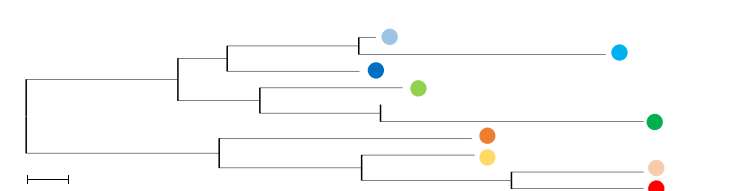
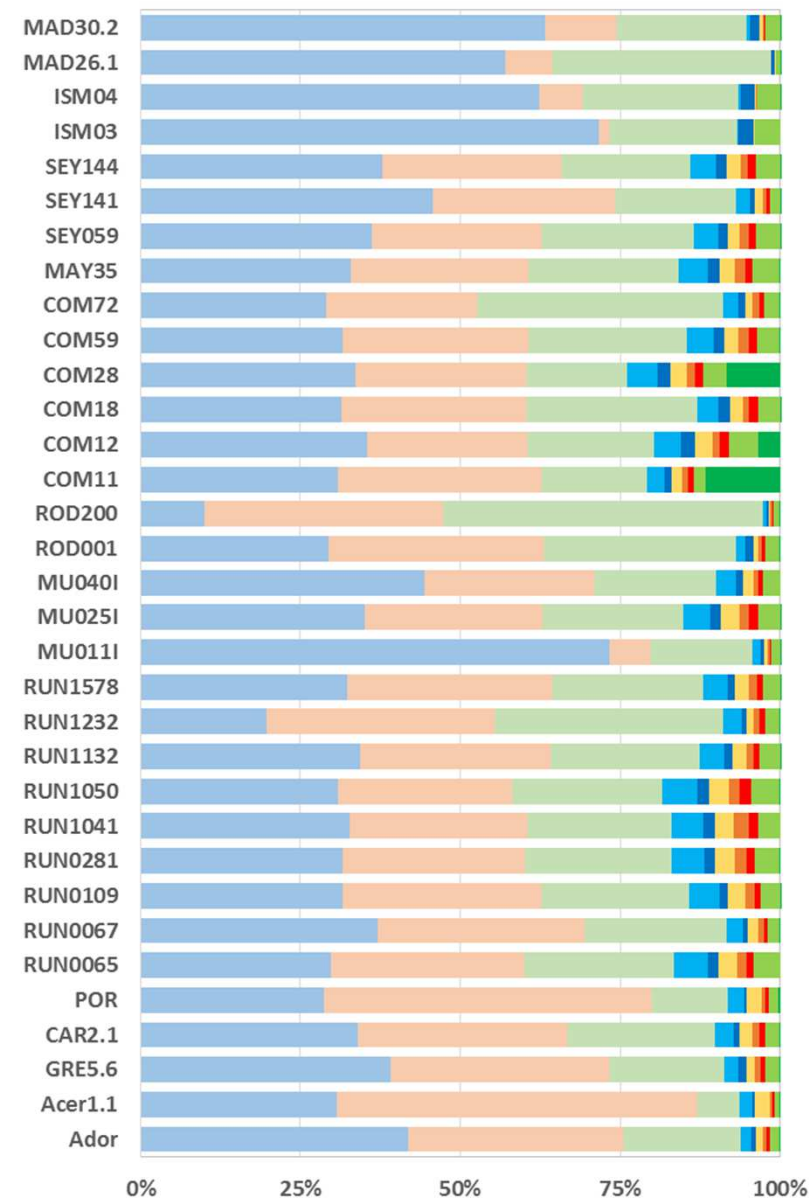
052AR (2 loci : NC)



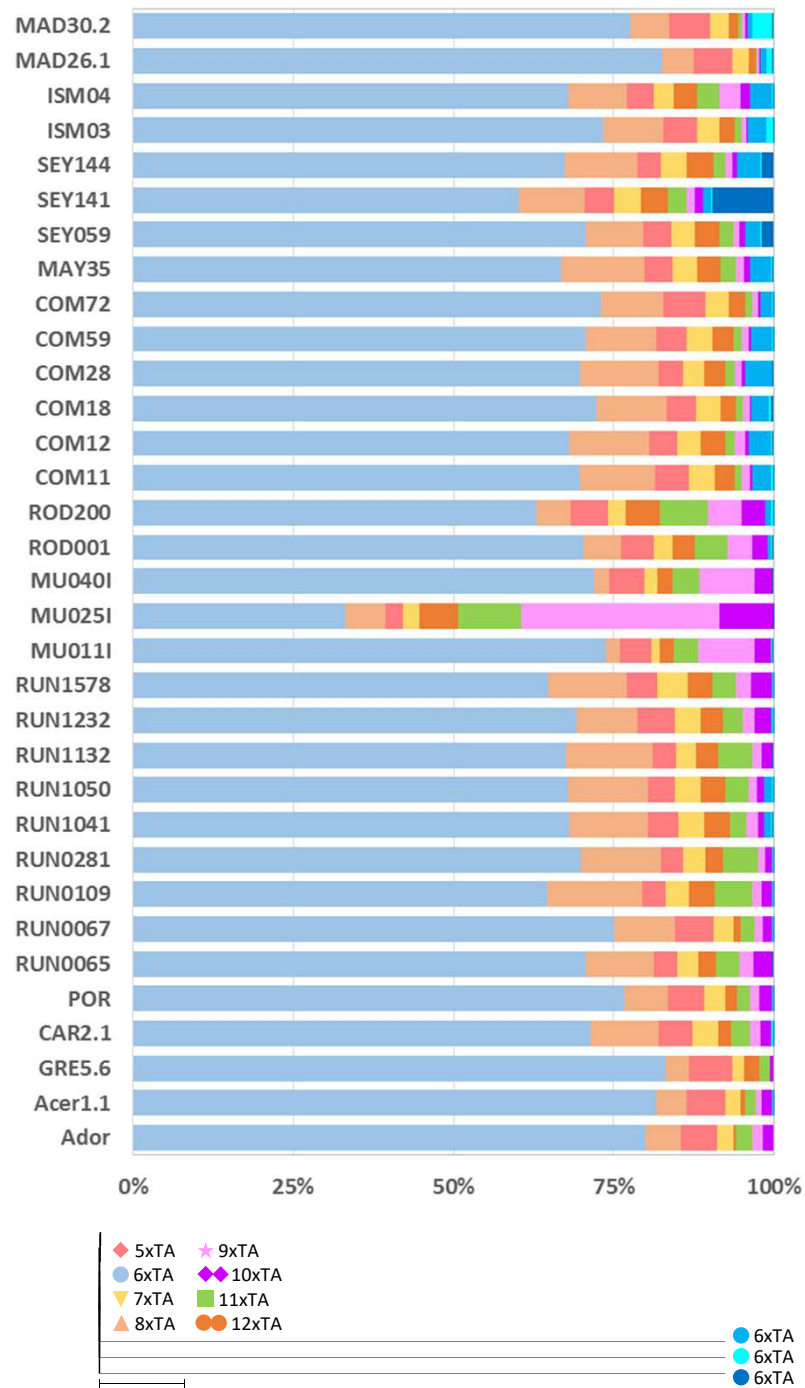
105AF (MS)



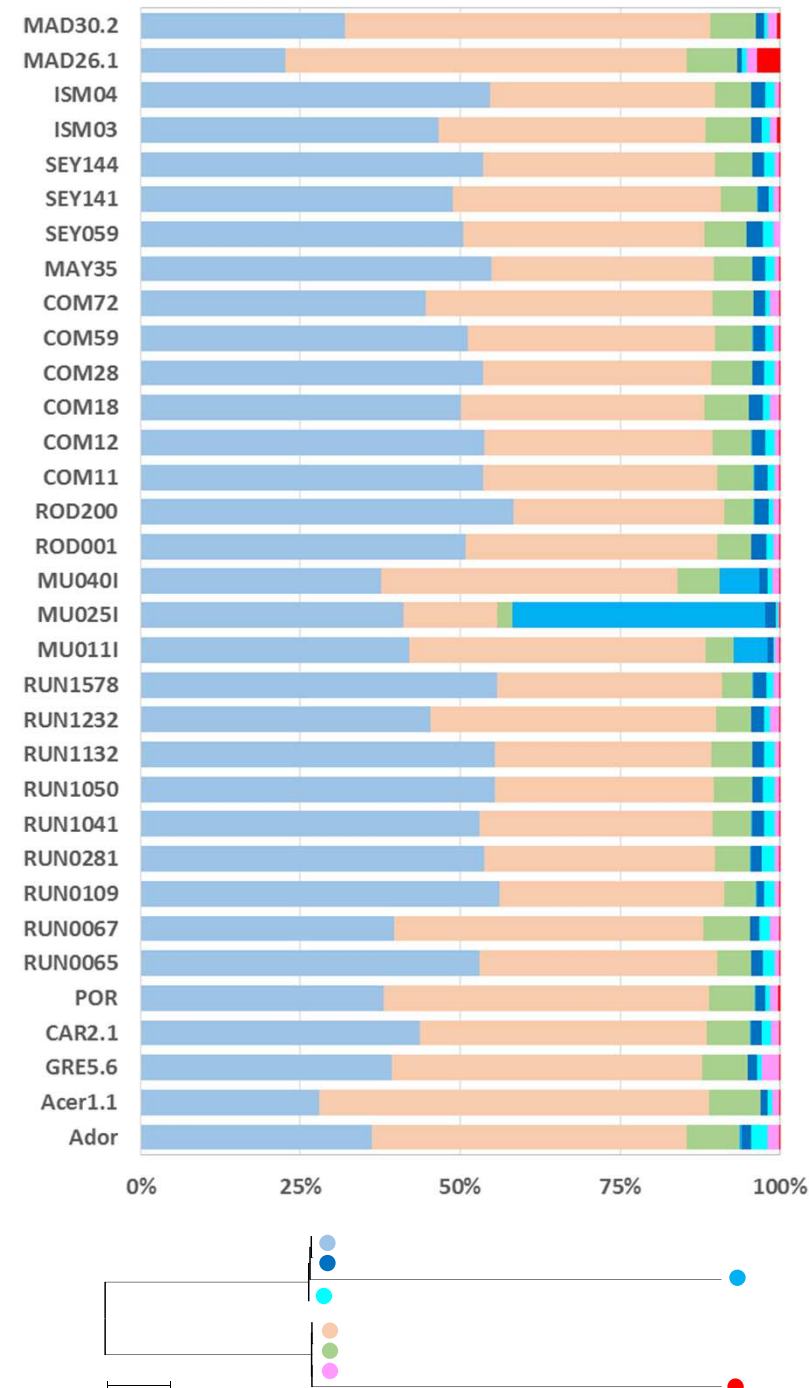
105AR (NC)



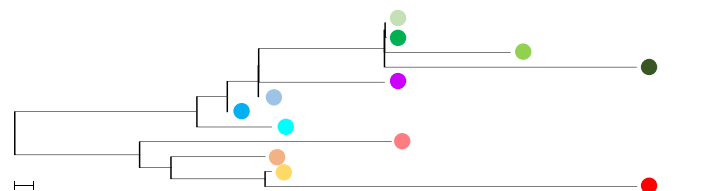
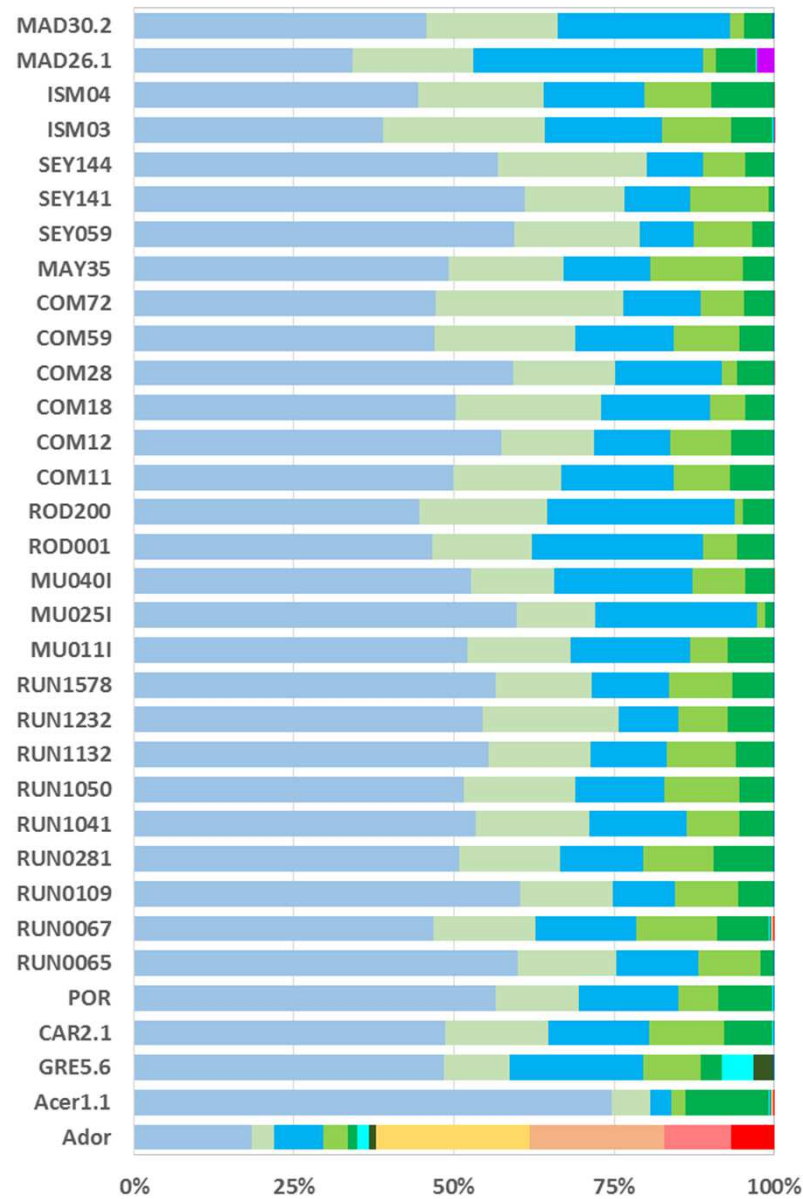
143AF (MS)



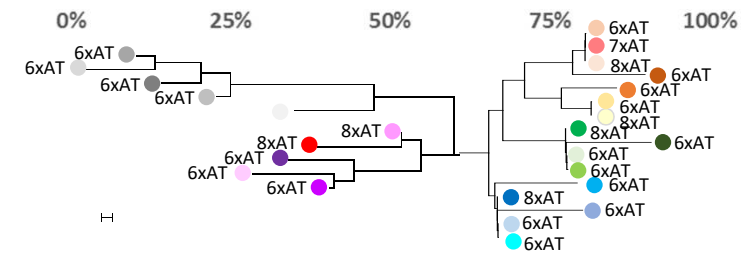
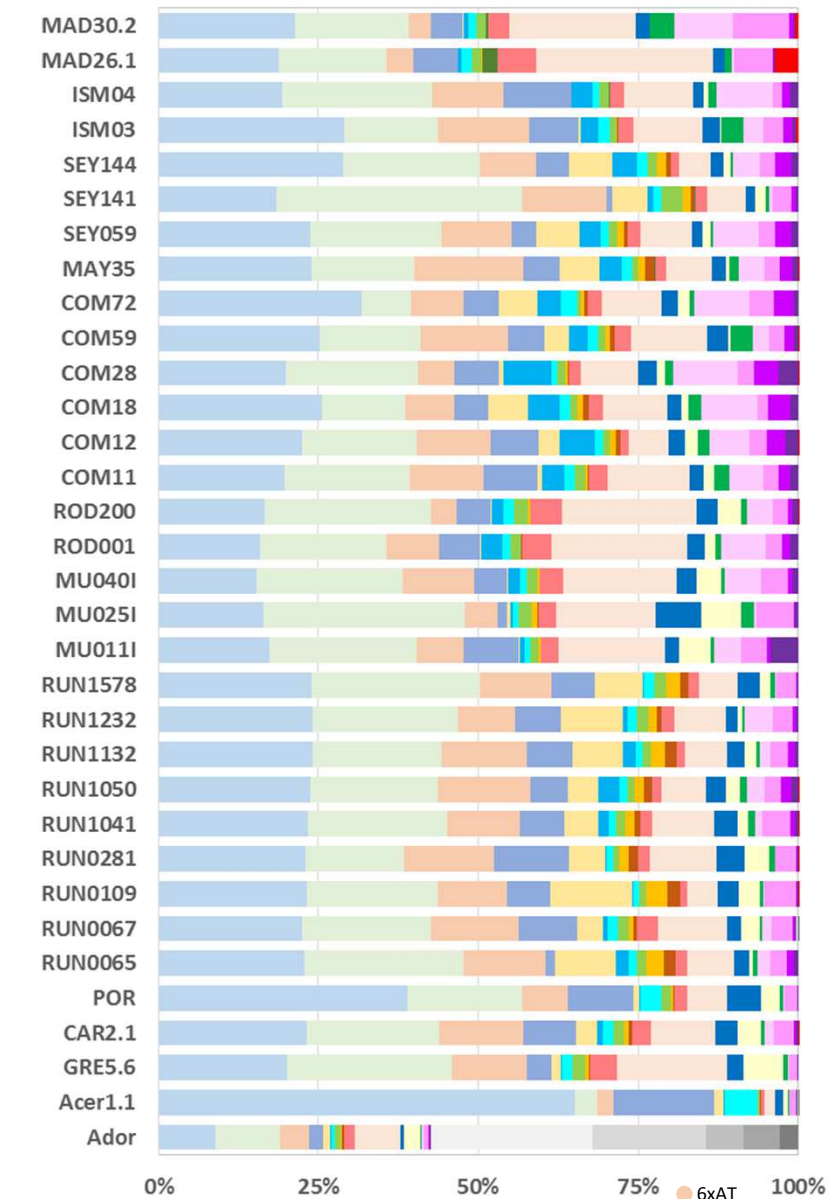
143AR (NC)



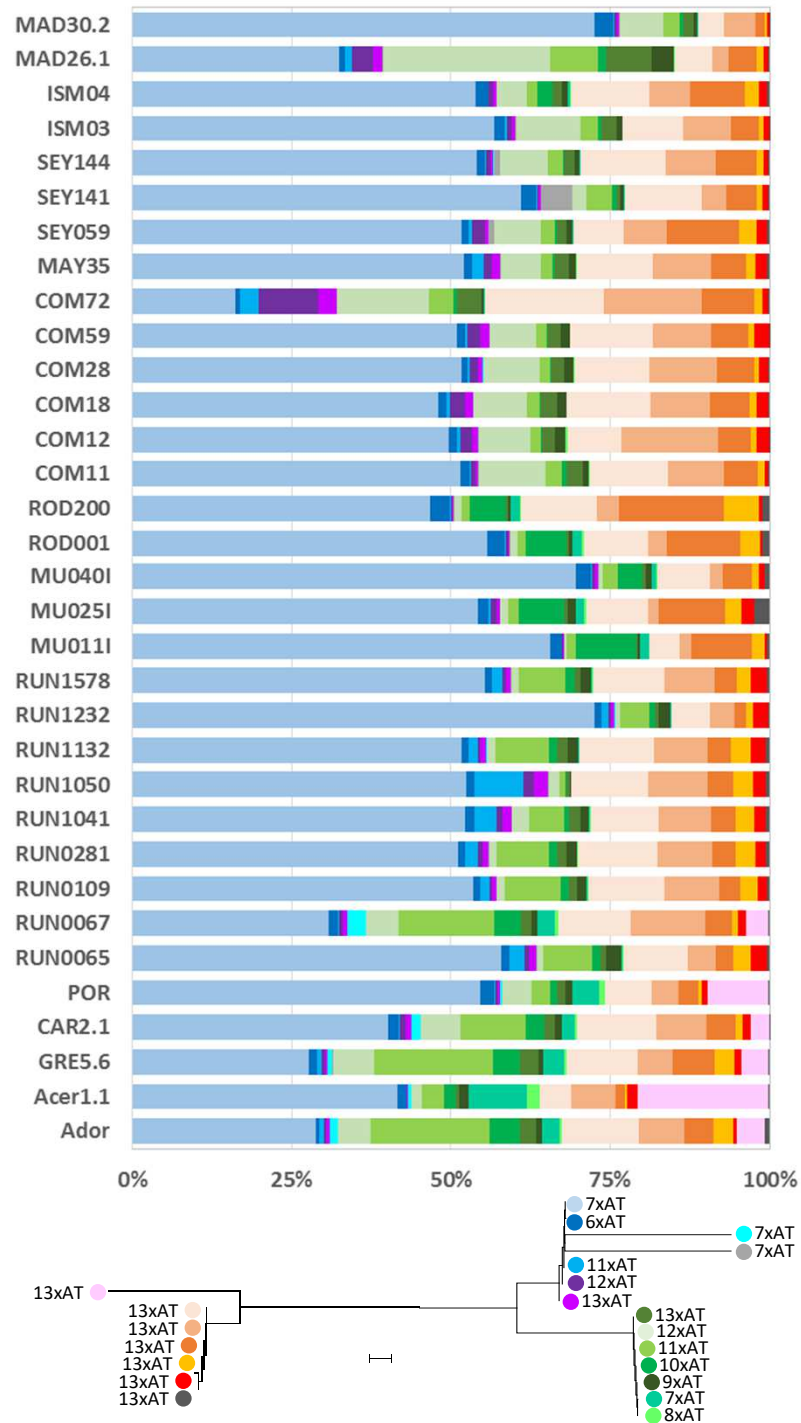
149AF (NC)



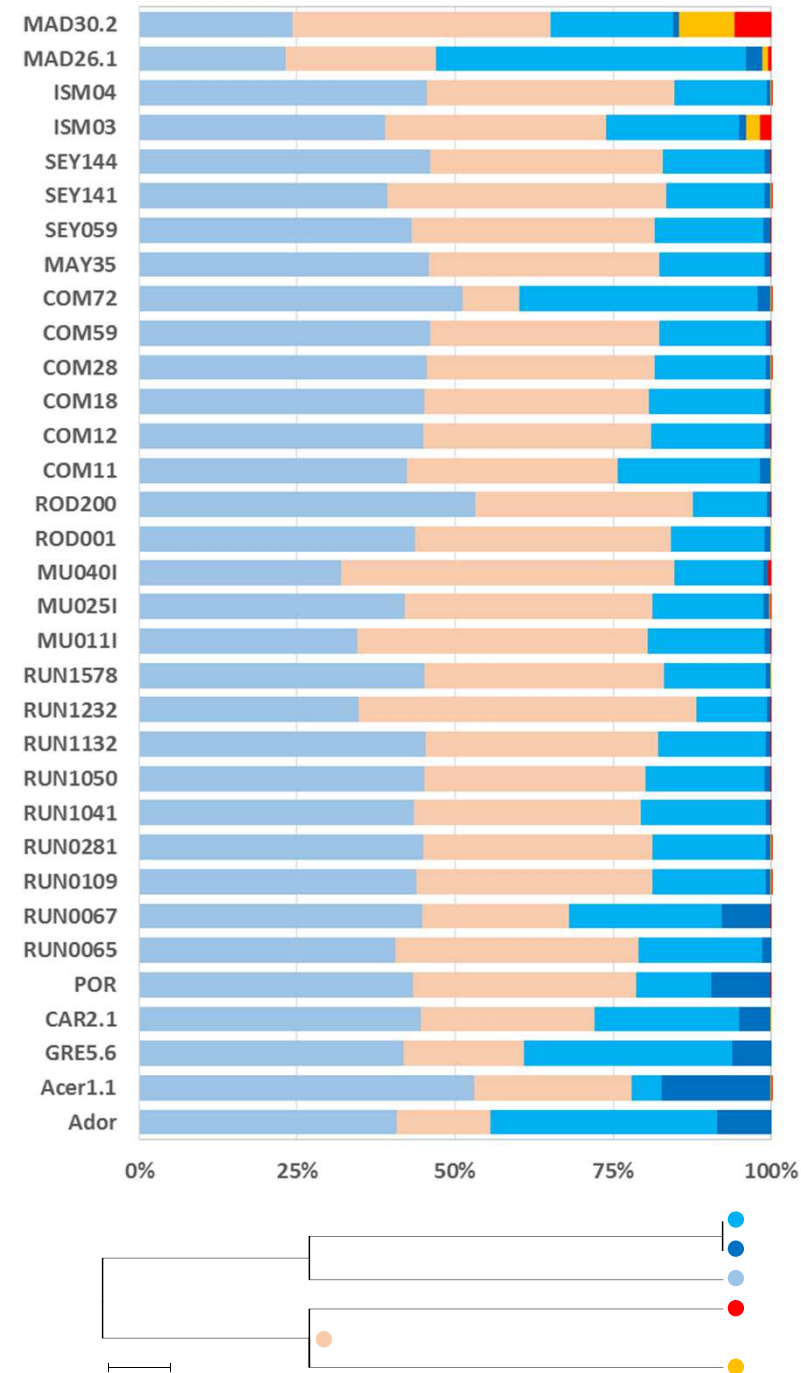
149AR (MS)



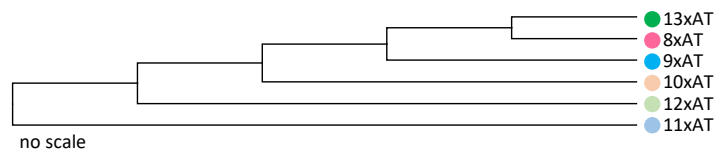
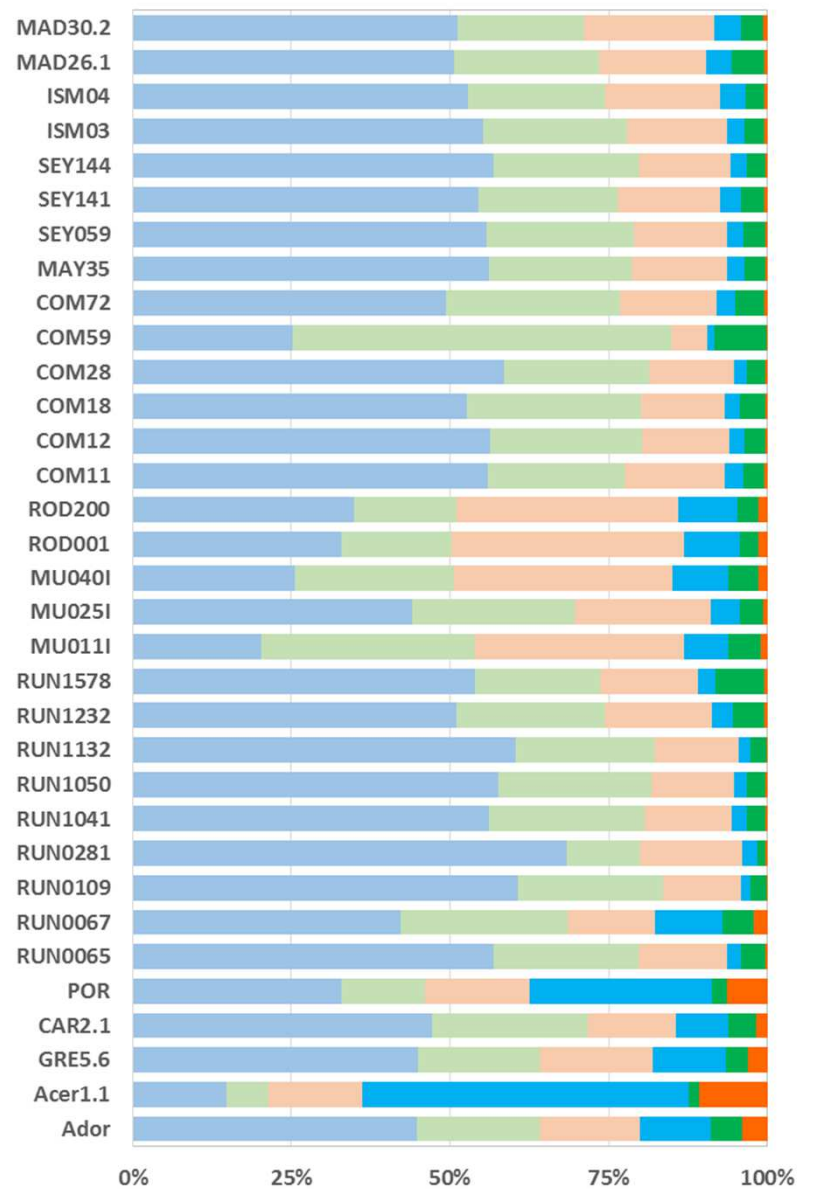
174AF (MS)



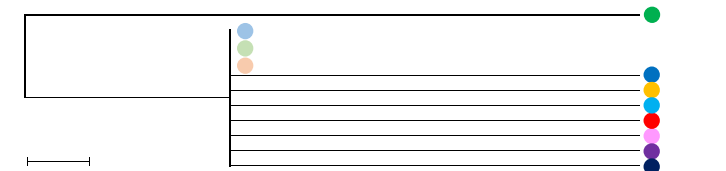
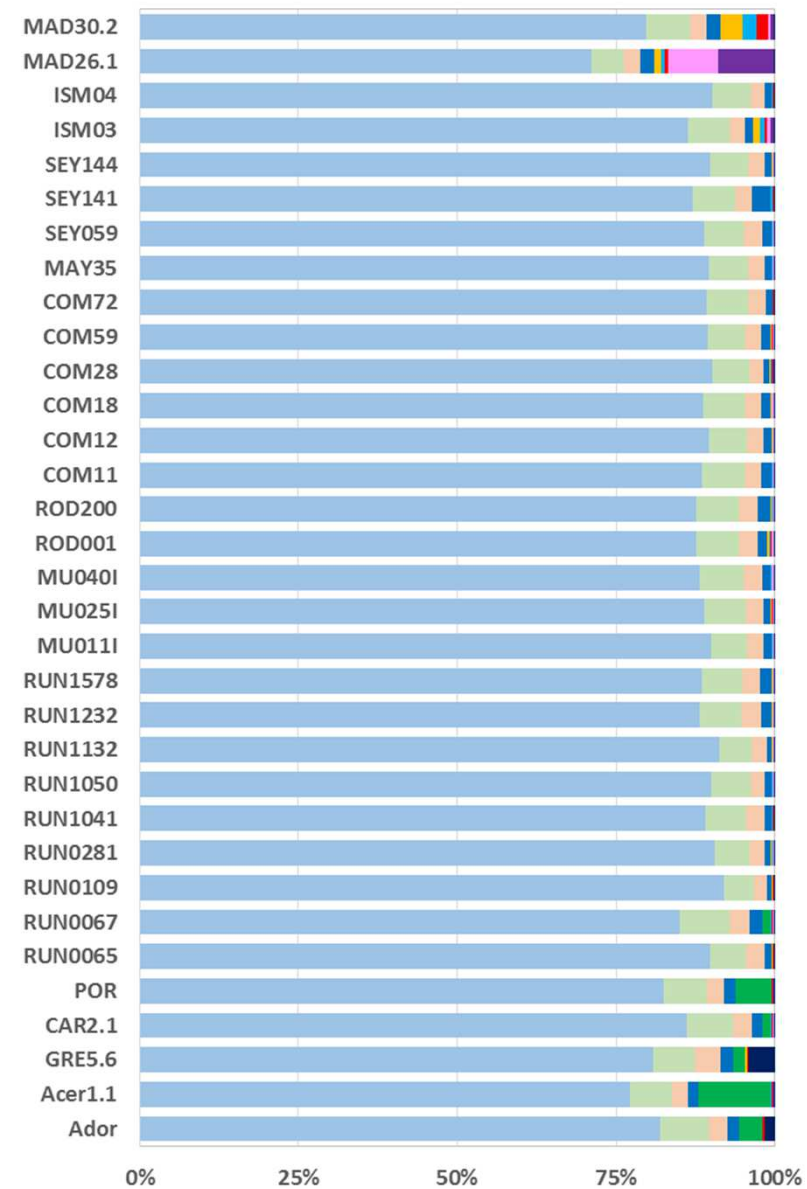
174AR (NC)



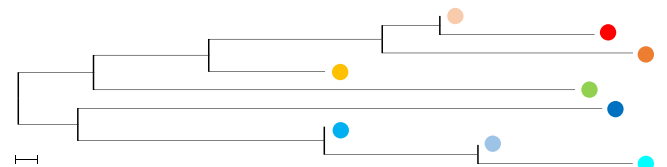
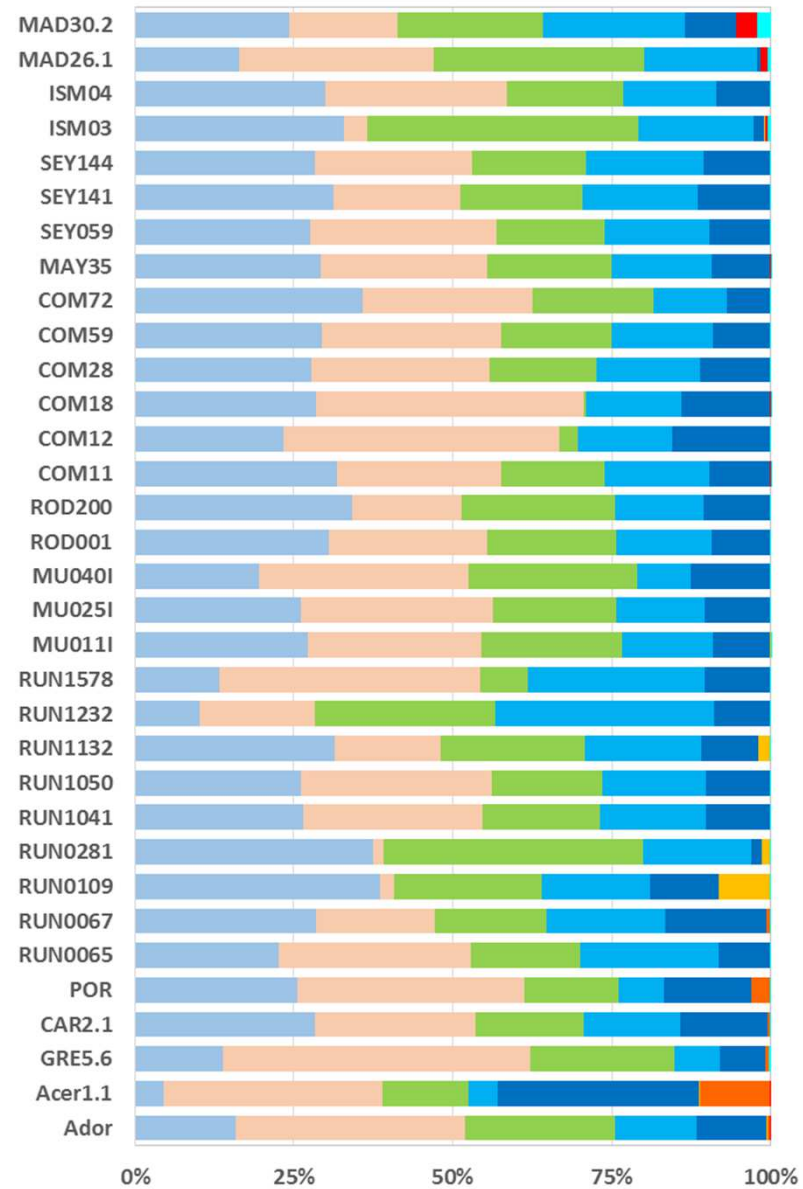
185AF (MS)



185AR (NC)



386AF (CR, endospore protein EnPB1)



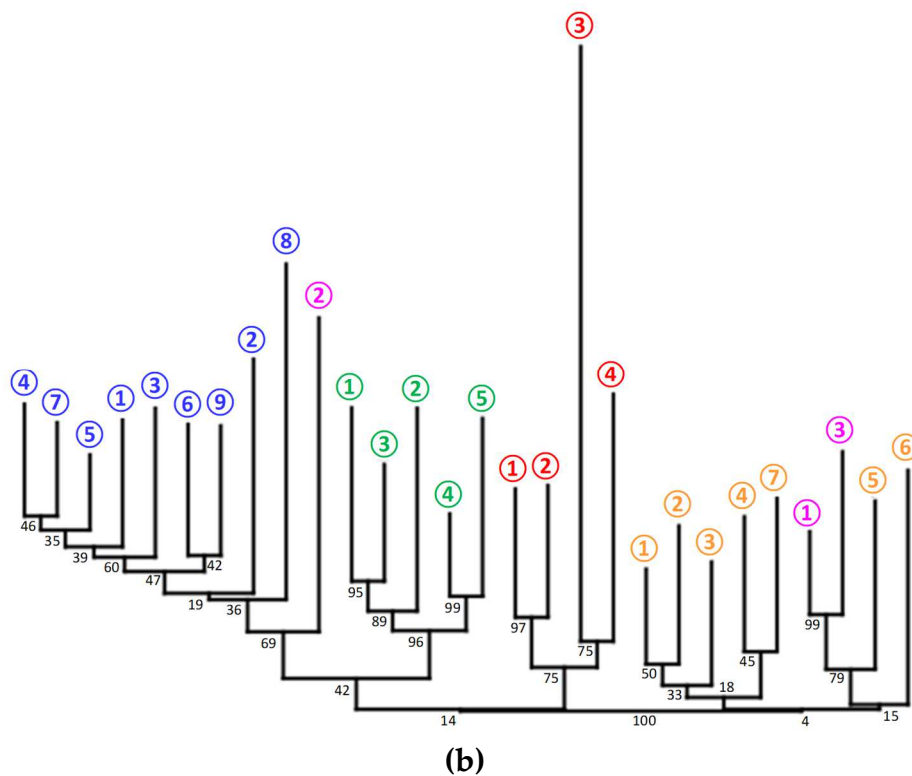
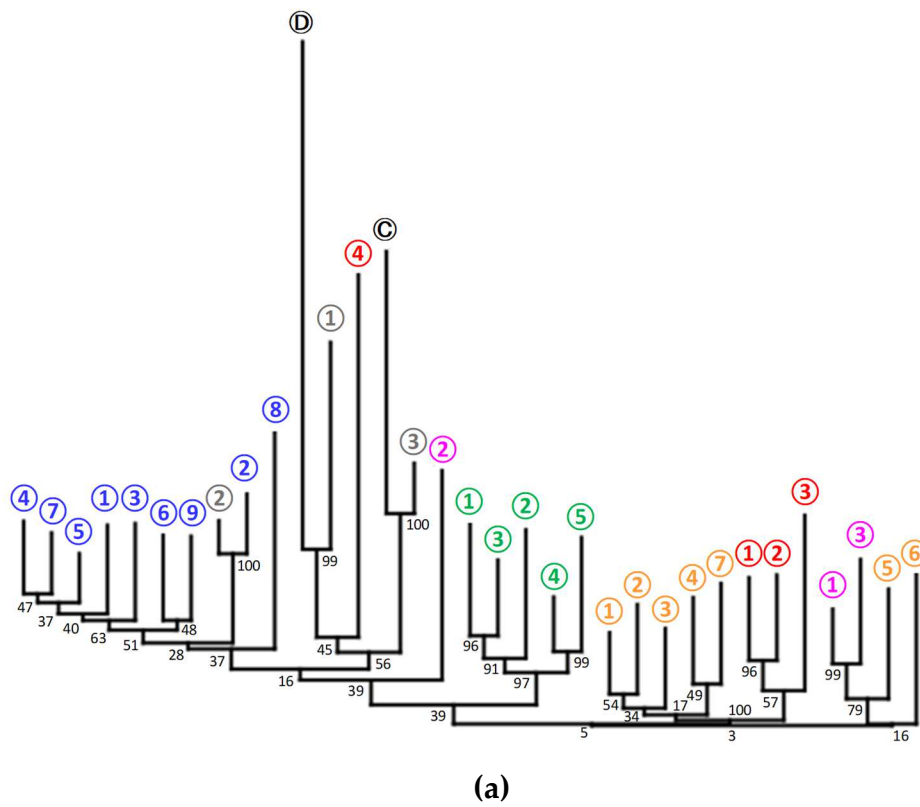
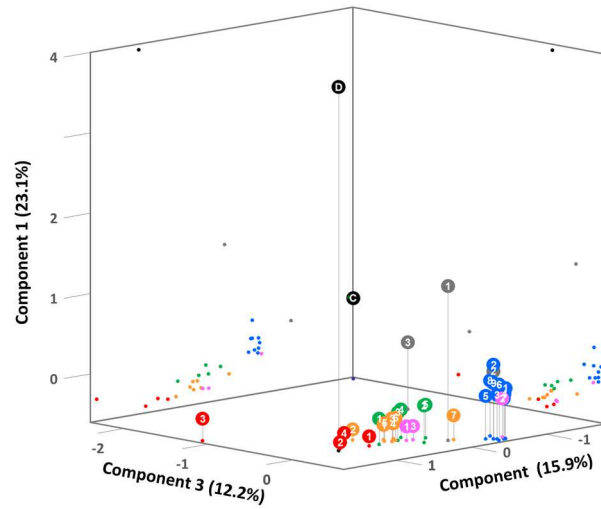


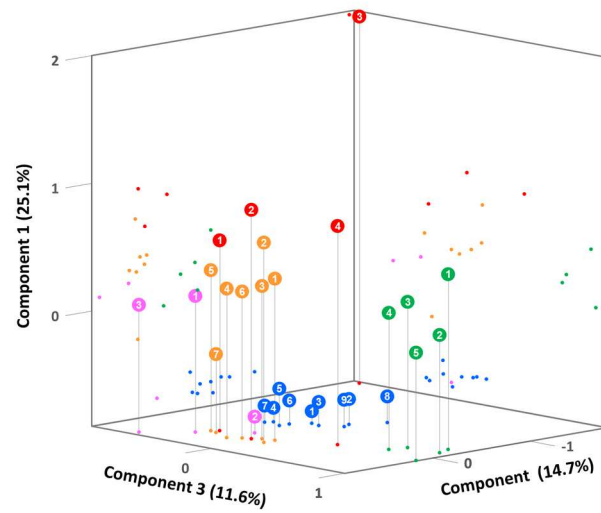
Figure S3. Neighbor-Joining clustering of (a) all the studied isolates and of (b) the SWIO isolates, based on Euclidean similarity matrix computed from the frequencies of 636 haplotypes. Numbers indicate the percentage of replicates supporting the corresponding node, with 10 000 resamplings. Isolates from . European and Asian outgroups are in grey and black respectively. For isolate nomenclature see Table 1.

Table S4. AMOVA analyses of 83 markers in the 28 SWIO isolates, with 5 defined geographic groups: La reunion, Mauritius, the Comoros (incl. Mayotte), the Seychelles, Madagascar (df=4 among groups, df=23 among populations within groups, df=279961 to 279983 within populations, 10000 permutations).

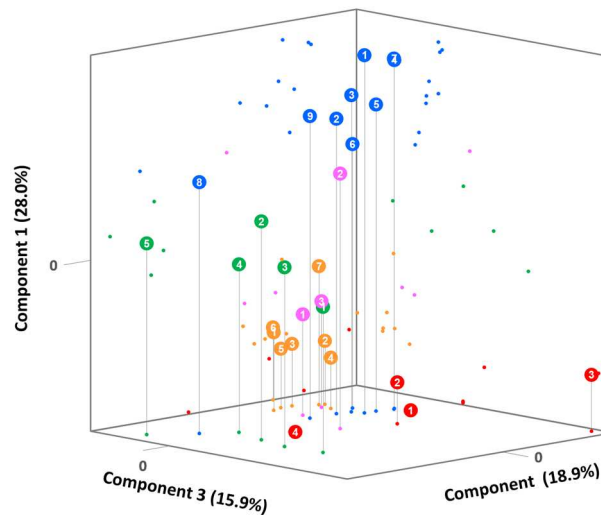
Marker	Variance of component			indices			p-values		
	Va	Vb	Vc	FCT	FSC	FST	Va & FCT	Vb & FSC	Va & FCT
001AF	0,00039	0,00055	0,25386	0,0015	0,0022	0,0037	0,007	0	0
001AR	0,00000	0,00010	0,05978	0,0000	0,0016	0,0016	0,403	0	0
001BF	-0,00002	0,00066	0,01510	-0,0012	0,0419	0,0407	0,545	0	0
001BR	0,00067	0,00176	0,25284	0,0026	0,0069	0,0095	0,008	0	0
001CF	0,00226	0,00438	0,24985	0,0088	0,0172	0,0259	0,008	0	0
001CR	0,00003	0,00114	0,01855	0,0017	0,0579	0,0595	0,306	0	0
001DF	0,00071	0,00202	0,24672	0,0028	0,0081	0,0109	0,026	0	0
001DR	0,00000	0,00000	0,00000	0,0000	0,0000	0,0000	1,000	1	1
001EF	0,01595	0,01715	0,27064	0,0525	0,0596	0,1090	0,000	0	0
001ER	-0,00009	0,00114	0,00975	-0,0079	0,1050	0,0979	0,696	0	0
002AF	0,00211	0,00352	0,35528	0,0059	0,0098	0,0156	0,002	0	0
002AR	0,00001	0,00001	0,00458	0,0029	0,0027	0,0056	0,000	0	0
003AF	0,00009	0,00026	0,07995	0,0012	0,0032	0,0044	0,025	0	0
003AR	0,00008	0,00431	0,38499	0,0002	0,0111	0,0113	0,338	0	0
003BF	0,00060	0,00869	0,29176	0,0020	0,0289	0,0309	0,200	0	0
003BR	0,00220	0,01262	0,16857	0,0120	0,0696	0,0808	0,112	0	0
004AF	0,00188	0,00811	0,37327	0,0049	0,0213	0,0261	0,026	0	0
004AR	0,00112	0,00517	0,32682	0,0033	0,0156	0,0189	0,040	0	0
004BF	0,02905	0,00667	0,26185	0,0976	0,0248	0,1200	0,000	0	0
004BR	0,00191	0,00293	0,15485	0,0119	0,0186	0,0303	0,003	0	0
005AF	0,00000	0,00009	0,00744	0,0002	0,0121	0,0123	0,356	0	0
005AR	0,00078	0,00225	0,02029	0,0333	0,1000	0,1300	0,014	0	0
005BF	0,00049	0,00135	0,01846	0,0242	0,0682	0,0907	0,021	0	0
005BR	0,00004	0,00007	0,00802	0,0043	0,0081	0,0124	0,000	0	0
006AF	0,00027	0,00506	0,32848	0,0008	0,0152	0,0160	0,235	0	0
006AR	0,00028	0,00443	0,38601	0,0007	0,0113	0,0120	0,235	0	0
009AF	0,00829	0,00852	0,31970	0,0246	0,0260	0,0500	0,001	0	0
009AR	0,00926	0,00391	0,19872	0,0437	0,0193	0,0621	0,000	0	0
011AF	0,00095	0,00348	0,28956	0,0032	0,0119	0,0151	0,057	0	0
011AR	0,00208	0,00905	0,32842	0,0061	0,0268	0,0328	0,051	0	0
011BF	0,00332	0,00524	0,26084	0,0123	0,0197	0,0318	0,010	0	0
011BR	-0,00071	0,02561	0,33473	-0,0020	0,0711	0,0692	0,556	0	0
013AF	0,01094	0,00053	0,04104	0,2083	0,0127	0,2184	0,000	0	0
013AR	0,00677	0,01369	0,20883	0,0295	0,0615	0,0892	0,018	0	0
013BF	0,00453	0,01293	0,06925	0,0522	0,1573	0,2013	0,014	0	0
013BR	0,02729	0,00660	0,17228	0,1323	0,0369	0,1644	0,000	0	0
014AF	-0,00036	0,00543	0,01077	-0,0224	0,3353	0,3204	0,674	0	0
014AR	-0,00020	0,00360	0,25865	-0,0008	0,0137	0,0130	0,631	0	0
016AF	0,03382	0,00832	0,20797	0,1352	0,0385	0,1685	0,000	0	0
016AR	0,03947	0,01498	0,21637	0,1458	0,0648	0,2011	0,000	0	0
016BF	0,00044	0,00321	0,24835	0,0018	0,0128	0,0145	0,169	0	0
016BR	0,01765	0,00414	0,20235	0,0788	0,0201	0,0972	0,000	0	0
017AF	0,00682	0,00660	0,33081	0,0198	0,0196	0,0390	0,001	0	0
017AR	0,00588	0,00668	0,30946	0,0183	0,0211	0,0390	0,005	0	0
019AF	0,00446	0,00652	0,31645	0,0136	0,0202	0,0335	0,001	0	0
019AR	0,00001	0,00004	0,00853	0,0011	0,0049	0,0060	0,028	0	0
019BF	0,00232	0,00435	0,24099	0,0094	0,0177	0,0269	0,013	0	0
019BR	0,00172	0,00518	0,26538	0,0063	0,0192	0,0254	0,034	0	0
019CF	0,00231	0,00883	0,28860	0,0077	0,0297	0,0372	0,025	0	0
019CR	0,00145	0,00848	0,24430	0,0057	0,0336	0,0391	0,126	0	0
020AF	0,00244	0,01152	0,33828	0,0069	0,0329	0,0396	0,069	0	0
020AR	0,00348	0,00698	0,36020	0,0094	0,0190	0,0282	0,000	0	0
021AF	0,00498	0,00920	0,36501	0,0131	0,0246	0,0374	0,001	0	0
021AR	0,00546	0,00925	0,32083	0,0163	0,0280	0,0438	0,001	0	0
021BF	0,00198	0,00562	0,24630	0,0078	0,0223	0,0299	0,022	0	0
021BR	0,00228	0,00657	0,24265	0,0091	0,0263	0,0352	0,021	0	0
025AF	-0,00008	0,00285	0,30629	-0,0003	0,0092	0,0090	0,580	0	0
025AR	0,00024	0,00130	0,01190	0,0179	0,0986	0,1147	0,106	0	0
034AF	0,00024	0,00227	0,24630	0,0009	0,0091	0,0101	0,217	0	0
034AR	0,00044	0,00241	0,27009	0,0016	0,0089	0,0104	0,047	0	0
036AF	0,00084	0,00409	0,19247	0,0043	0,0208	0,0250	0,083	0	0
036AR	0,00134	0,00407	0,24662	0,0053	0,0162	0,0215	0,028	0	0
041AF	0,00035	0,00207	0,26858	0,0013	0,0077	0,0089	0,123	0	0
041AR	0,00049	0,00310	0,27438	0,0018	0,0112	0,0129	0,084	0	0
043AF	0,00013	0,00593	0,39096	0,0003	0,0150	0,0153	0,352	0	0
043AR	0,00202	0,00625	0,34747	0,0057	0,0177	0,0232	0,012	0	0
049AF	0,00163	0,00195	0,31009	0,0052	0,0062	0,0114	0,000	0	0
049AR	0,00033	0,00103	0,26983	0,0012	0,0038	0,0050	0,006	0	0
052AF	-0,00021	0,00932	0,32734	-0,0006	0,0277	0,0271	0,542	0	0
052AR	0,00217	0,01060	0,34940	0,0060	0,0294	0,0353	0,073	0	0
105AF	0,01585	0,00881	0,32782	0,0450	0,0262	0,0699	0,000	0	0
105AR	0,01014	0,01053	0,34558	0,0277	0,0296	0,0564	0,002	0	0
143AF	0,00216	0,00472	0,25042	0,0084	0,0185	0,0267	0,001	0	0
143AR	0,00195	0,00838	0,29204	0,0065	0,0279	0,0342	0,038	0	0
149AF	0,00367	0,00329	0,32591	0,0110	0,0100	0,0209	0,000	0	0
149AR	0,00367	0,00403	0,42984	0,0084	0,0093	0,0176	0,000	0	0
174AF	0,00274	0,00938	0,33759	0,0078	0,0270	0,0347	0,022	0	0
174AR	0,00133	0,00788	0,31731	0,0041	0,0242	0,0282	0,061	0	0
185AF	0,00756	0,00742	0,31637	0,0228	0,0229	0,0452	0,000	0	0
185AR	0,00039	0,00080	0,10889	0,0035	0,0073	0,0108	0,007	0	0
386AF	0,00173	0,01215	0,37858	0,0044	0,0311	0,0354	0,089	0	0



(a)



(b)



(c)

Figure S4. Effect of the reduction of sequencing coverage on isolates distribution. PCAs obtained considering all (a) or only SWIO isolates (b) using a model with all the 83 markers but only 20 reads per marker and per isolates with the removal of singletons (unique haplotypes in one isolate). Below 20 reads the SWIO isolates clustered together but with blurred differentiation. In (c) only microsatellite haplotypes were used for the SWIO isolates. Same legend as Figure 4.

Table S5 : List of the 485 polymorphic sites detected in the 636 haplotypes. The position is given according to the sequence of the most abundant haplotype (#01) as a reference except for 052AF where it was haplotype 052AF02. Any adjacent polymorphic positions were considered as a single site. Thus every microsatellite was considered as a single polymorphic site with several derived characters. The SP from contig JPQZ01000088 where removeds for 052AF and 052AR data. SNP : single nucleotide polymorphism, xNP : x-nt long polymorphism.

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP001	001AF	CR	SNP	36	A	97,8-99,9	G	Ts	n	T>A	0,1-2,2
SP002	001AF	CR	SNP	68	T	97,6-99,9	C	Ts	o		0,07-2,4
SP003	001AF	CR	SNP	79	A	98-99,9	G	Ts	n	N>S	0,08-2
SP004	001AF	CR	SNP	122	C	36,9-63	T	Ts	o		37-63,1
SP005	001AF	CR	SNP	143	T	97,5-99,9	C	Ts	o		0,08-2,5
SP006	001AR	CR	SNP	12	A	96,8-97,7	C	Tv	n	L>F	2,3-3,2
SP007	001AR	CR	SNP	54	A	96,9-97,8	C	Tv	o		2,3-3,1
SP008	001AR	CR	SNP	118	G	96,7-100	A	Ts	n	E>K	0,02-3,3
SP009	001AR	CR	SNP	140	A	95,7-99,7	G	Ts	o		0,31-4,3
SP010	001BF	CR	SNP	36	A	96,1-99,9	G	Ts	n	Q>K	0,15-3,9
SP011	001BF	CR	SNP	67	G	94,7-100	A	Ts	o		0,05-5,3
SP012	001BF	CR	SNP	73	G	93,9-100	A	Ts	o		0,03-6,1
SP013	001BF	CR	SNP	77	C	96,3-100	T	Ts	n	stop	0,03-3,7
SP014	001BF	CR	SNP	90	T	83,1-99,9	C	Ts	n	V>A	0,07-16,9
SP015	001BF	CR	SNP	129	C	97,1-100	T	Ts	n	T>I	0,05-2,9
SP016	001BR	CR	SNP	30	C	97,9-100	T	Ts	n	A>V	0,02-2,1
SP017	001BR	CR	SNP	77	G	89,3-100	A	Ts	n	E>K	0-10,7
SP018	001BR	CR	SNP	84	G	97,7-100	A	Ts	o		0-2,4
SP019	001BR	CR	SNP	91	G	93,8-99,9	A	Ts	o		0,07-6,2
SP020	001BR	CR	SNP	107	G	38,8-82,6	A	Ts	o		17,5-61,2
SP021	001CF	CR	SNP	54	A	81,7-100	C	Tv	n	N>T	0-18,3
SP022	001CF	CR	SNP	64	C	27,5-67,9	T	Ts	o		32,1-72,6
SP023	001CF	CR	SNP	148	A	96,5-99,9	G	Ts	o		0,09-3,5
SP024	001CR	CR	SNP	20	A	84,2-100	G	Ts	o		0-15,8
SP025	001CR	CR	SNP	28	G	84,2-100	A	Ts	o		0-15,8
SP026	001CR	CR	SNP	33	A	97,7-99,9	G	Ts	n	D>G	0,13-2,3
SP027	001CR	CR	SNP	47	C	92,6-100	T	Ts	n	L>F	0-7,4
SP028	001CR	CR	SNP	81	A	83,7-99,8	G	Ts	n	D>G	0,18-16,3
SP029	001CR	CR	SNP	110	T	82,4-99,9	C	Ts	n	F>L	0,09-17,6
SP030	001CR	CR	SNP	121	A	82,1-100	G	Ts	o		0,03-17,9
SP031	001DF	CR	SNP	4	G	81,9-100	T	Tv	o	E>D	0-18,1
SP032	001DF	MS	indel/MS	93-117	(T5A)3 TAATTTA	38,4-74,5	(T5A)3 TAATTTA	-	-		20,8-49,4
							or (T5A)2 (TTCTTA) TAATTTA	-	-		0,06-16,7
							or (T5A)2	-	-		0-22
							or (T5A) (TTCTTA) (T5A)2 TAATTTA	-	-		0,01-7,6
							or (TCTTTA) (T5A)3 TAATTTA	-	-		0,07-2,5
SP033	001DF	MS	SNP	131	C	97,6-100	T	Ts	-		0-2,4
SP034	001EF	MS	indel/MS	39-40	-	38,2-98,5	AATA	-	-		1,5-61,8
SP035	001EF	MS	SNP	79	T	35,1-97,8	G	Tv	-		2,3-64,9
SP036	001EF	MS	indel	98	A	34,9-97,7	-	-	-		2,3-65,1
SP037	001EF	MS	SNP	117	A	96,8-100	T	Tv	-		0-3,3
SP038	001EF	MS	SNP	124	G	84,7-100	A	Ts	-		0-15,3
SP039	001EF	MS	indel	143	C	96,7-99,8	-	-	-		0,19-3,3
SP040	001ER	NC	SNP	76	C	98-99,9	T	Ts	-		0,06-2
SP041	001ER	NC	indel	109	T	83,4-100	-	-	-		0-16,6
SP042	002AF	CR	2NP	8-9	CC	66,2-85	TT	Ts	n	P>L	15-33,8
SP043	002AF	CR	SNP	10	A	66,7-100	G	Ts	o		0-33,3
SP044	002AF	CR	SNP	20	A	84,5-100	G	Ts	n	I>V	0-15,5
SP045	002AF	CR	SNP	37	A	53,4-94,4	G	Ts	o		5,6-46,6
SP046	002AF	CR	SNP	119	A	29-71,5	T	Tv	n	Y>N	28,5-71
SP047	002AR	CR	SNP	57	T	85,6-99,8	C	Ts	o		0,21-14,4
SP048	002AR	CR	SNP	66	G	97,6-100	T	Tv	n	R>S	0,01-2,4
SP049	003AF	CR	SNP	29	A	96,5-99,9	G	Ts	n	E>G	0,11-3,5
SP050	003AF	CR	SNP	49	C	74,2-100	T	Ts	n	Q>stop	0,05-25,8
SP051	003AF	CR	SNP	52	G	93,8-100	A	Ts	n	D>N	0,05-6,2
SP052	003AF	CR	SNP	64	C	77,4-100	T	Ts	n	L>F	0,03-22,7
SP053	003AF	NC	indel	79	A	91,1-93,9	-	-	-		4,7-6,8
							or AA	-	-		0,9-2,1
SP054	003AR	MS	SNP	17	T	91,5-100	C	Ts	-		0-8,5
SP055	003AR	MS	SNP	37	A	97-100	G	Ts	-		0-3
SP056	003AR	MS	indel	59-60	AAG	40,6-73,2	AAA	Ts	-		22,4-59,4
							or AAAG	-	-		0-30,3
SP057	003AR	MS	SNP	71	T	97,8-100	C	Ts	-		0-2,2
SP058	003AR	MS	SNP	89	T	97,8-100	C	Ts	-		0-2,2
SP059	003AR	MS	SNP	95	T	98,2-100	C	Ts	-		0,03-1,8
SP060	003AR	MS	SNP	96	T	96,7-100	C	Ts	-		0,01-3,3
SP061	003AR	MS	SNP	106	G	91,5-100	A	Ts	-		0-8,5
SP062	003AR	MS	SNP	123	T	97,5-100	C	Ts	-		0-2,5
SP063	003AR	MS	indel/MS	124-125	TTTA	33,8-81	-	-	-		19-66,3
SP064	003AR	MS	SNP	142	T	68,4-100	C	Ts	-		0,04-31,7
SP065	003AR	MS	SNP	145	T	39,2-79,7	C	Ts	-		20,3-60,8

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP066	003BF	NC	SNP	1	A	61,1-89,7	T	Tv	-		10,3-38,9
SP067	003BF	NC	SNP	21	A	98,2-100	G	Ts	-		0-1,8
SP068	003BF	NC	indel	26-27	-	4,9-88,9	ACATTAAAGATGAAT or AAATTAAAGATGAAT	-	-		11,1-63,2 0-57,1
SP069	003BF	NC	SNP	45	G	97,1-100	A	Ts	-		0-2,9
SP070	003BF	NC	SNP	57	G	42,9-100	A	Ts	-		0-57,1
SP071	003BF	NC	SNP	118	A	42,9-100	G	Ts	-		0-57,1
SP072	003BF	NC	indel	122	T	42,9-100	-	-	-		0-57,1
SP073	003BF	NC	SNP	129	T	42,9-100	G	Tv	-		0-57,1
SP074	003BF	NC	SNP	131	G	64,9-98,2	T	Tv	-		1,8-35,1
SP075	003BR	NC	SNP	50	T	6,1-90,1	G	Tv	-		9,9-93,9
SP076	003BR	NC	indel	77-78	-	30,7-90,1	TAACTTTGTTATTTTT or AACTTTATTATTTTT	-	-		9,8-67,6 0-1,7
SP077	003BR	NC	indel	116-117	-	38,6-99,7	A	-	-		0,3-61,4
SP078	003BR	NC	SNP	123	G	38,6-99,7	A	Ts	-		0,3-61,4
SP079	003BR	NC	2SP	132-133	TC	38,9-99,7	AG	Tv	-		0,3-61,1
SP080	004AF	NC	SNP	1	C	39,6-93,6	T	Ts	-		6,5-60,4
SP081	004AF	NC	SNP	13	T	42,9-77,9	A	Tv	-		22,1-57,1
SP082	004AF	NC	SNP	52	C	40,1-93,4	T	Ts	-		6,6-59,9
SP083	004AF	NC	SNP	55	C	40,1-93,4	T	Ts	-		6,6-59,9
SP084	004AF	NC	SNP	62	A	61,2-100	G	Ts	-		0,01-38,8
SP085	004AF	NC	SNP	100	T	46,7-79,3	C	Ts	-		20,7-53,3
SP086	004AR	NC	SNP	3	A	46,3-86,5	G	Ts	-		13,6-53,7
SP087	004AR	NC	SNP	5	C	46,3-86,5	T	Ts	-		13,6-53,7
SP088	004AR	NC	SNP	17	C	49-78,6	T	Ts	-		21,4-51,1
SP089	004BF	MS	SNP	46	G	37,7-85,2	A	Ts	-		14,8-62,3
SP090	004BF	MS	SNP	92	A	94,5-99,9	G	Ts	-		0,11-5,5
SP091	004BF	MS	indel/MS	120-122	TG	60,8-98,6	(AT)4 or (AT)2 or (AT)8 or (AT)7	-	-		0,42-22,5 0,87-19,7 0,01-3,5 0,1-4,1
SP092	004BR	NC	SNP	7	C	60,7-98	T	Ts	-		2-39,3
SP093	004BR	NC	2NP	15-16	GC	61,7-99	TT	-	-		1-38,3
SP094	004BR	NC	indel	22-23	GA	61,7-99	-	-	-		1-38,3
SP095	004BR	NC	SNP	27	C	61,7-99	T	Ts	-		1-38,3
SP096	004BR	NC	SNP	39	T	61,7-99	C	Ts	-		1-38,3
SP097	004BR	NC	SNP	46	A	61,7-99	G	Ts	-		1-38,3
SP098	004BR	NC	SNP	48	G	61,7-99	T	Tv	-		1-38,3
SP099	004BR	NC	3NP	53-55	AGA	61,7-99	TAG	-	-		1-38,3
SP100	004BR	NC	SNP	59	G	61,7-99	A	Ts	-		1-38,3
SP101	004BR	NC	indel	77-78	-	76,2-99,4	C	-	-		0,62-23,8
SP102	004BR	NC	SNP	90	G	76,2-99,4	T	Tv	-		0,62-23,8
SP103	004BR	NC	SNP	100	G	96,2-100	A	Ts	-		0-3,8
SP104	004BR	NC	2NP	115-116	AA	83,6-99,9	TT	Tv	-		0,14-16,5
SP105	004BR	NC	SNP	122	A	75,6-97,8	G	Ts	-		2,2-24,4
SP106	005AF	CR	SNP	15	C	98,2-100	T	Ts	n	A>V	0,02-1,8
SP107	005AF	CR	SNP	101	G	98,2-99,9	A	Ts	n	G>S	0,09-1,8
SP108	005AF	CR	SNP	126	G	97-99,9	A	Ts	n	S>N	0,06-3
SP109	005AF	CR	SNP	134	C	98,2-100	T	Ts	n	P>S	0,02-1,8
SP110	005AR	CR	SNP	33	T	95,6-99,9	C	Ts	s		0,12-4,5
SP111	005AR	CR	SNP	55	G	76,5-100	A	Ts	n	R>K	0,03-23,5
SP112	005AR	CR	SNP	90	G	93,2-100	A	Ts	n	G>S	0,04-6,8
SP113	005AR	CR	SNP	119	T	93,9-99,9	C	Ts	s		0,12-6,1
SP114	005AR	CR	SNP	122	C	97,9-100	T	Ts	s		0,03-2,1
SP115	005BF	CR	SNP	40	G	81,2-100	A	Ts	n	M>I	0,05-18,8
SP116	005BF	CR	SNP	90	A	66,6-100	G	Ts	n	Q>R	0-33,5
SP117	005BF	CR	SNP	104	G	93,7-100	A	Ts	n	E>K	0-6,3
SP118	005BF	CR	SNP	106	G	95,3-100	A	Ts	s		0,04-4,7
SP119	005BF	CR	SNP	111	G	79,6-100	A	Ts	n	G>E	0,04-20,5
SP120	005BF	CR	SNP	118	C	66,6-100	T	Ts	s		0-33,5
SP121	005BF	CR	SNP	149	A	98,1-99,9	G	Ts	n	R>G	0,15-1,9
SP122	005BR	CR	SNP	26	T	97,8-99,8	C	Ts	s		0,17-2,2
SP123	005BR	CR	SNP	48	G	98,2-99,9	A	Ts	n	G>R	0,07-1,8
SP124	005BR	CR	SNP	120	C	95,4-99,9	T	Ts	n	H>Y	0,09-4,6
SP125	006AF	NC	SNP	23	C	6,9-94,7	T	Ts	-		5,3-93,1
SP126	006AF	NC	SNP	42	T	6,9-94,6	C	Ts	-		5,4-93,1
SP127	006AF	NC	2NP	46-47	GG	53,4-97,8	AA	Ts	-		2,2-46,6
SP128	006AF	NC	SNP	63	C	94,4-100	T	Ts	-		0-5,6
SP129	006AF	NC	SNP	74	C	9,1-100	T	Ts	-		0-90,9
SP130	006AF	NC	SNP	85	C	60,9-98,2	A	Tv	-		1,8-39,1
SP131	006AF	NC	SNP	101	C	51-100	T	Ts	-		0-49
SP132	006AF	NC	SNP	104	T	53,6-97,8	A	Tv	-		2,2-46,4
SP133	006AF	NC	SNP	113	T	6,9-94,2	C	Ts	-		5,9-93,1
SP134	006AF	NC	SNP	133	C	97,6-100	T	Ts	-		0-2,4
SP135	006AR	NC	SNP	6	A	57,7-97,2	C	Tv	-		2,8-42,3
SP136	006AR	NC	SNP	18	G	7,4-100	A	Ts	-		0-92,6
SP137	006AR	NC	SNP	34	T	7,4-100	A	Tv	-		0-92,6

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP138	006AR	NC	SNP	43	C	33,1-97,4	T	Ts	-		2,7-66,9
SP139	006AR	NC	SNP	48	G	97,5-100	A	Ts	-		0-2,6
SP140	006AR	NC	indel	58-69	AAAAAT	4,7-70,8	AAATTT or AAAAATAAATTT	-	-		0-92,6
SP141	006AR	NC	SNP	74	G	5,5-88,1	T	Tv	-		2,7-66,9
SP142	006AR	NC	SNP	106	C	55,3-98,9	T	Ts	-		11,9-94,5
SP143	006AR	NC	SNP	110	T	49,8-100	C	Ts	-		1,1-44,7
SP144	006AR	NC	SNP	113	T	55,3-98,9	C	Ts	-		0-50,2
SP145	006AR	NC	SNP	134	A	56-99,1	C	Tv	-		1,1-44,7
SP146	006AR	NC	SNP	137	T	7,4-100	C	Ts	-		0,88-44
SP147	009AF	CR	SNP	8	T	4,7-100	G	Tv	s		0-92,6
SP148	009AF	CR	SNP	39	A	47,6-100	G	Ts	s		0-95,3
SP149	009AF	CR	SNP	53	C	47,6-100	T	Ts	n	V>I	0-52,4
SP150	009AF	CR	SNP	73	C	4,7-100	T	Ts	n	R>K	0-95,3
SP151	009AF	CR	SNP	80	A	75,4-100	G	Ts	n	S>P	0-24,6
SP152	009AF	CR	SNP	85	C	4,5-100	T	Ts	n	R>H	0-95,5
SP153	009AF	CR	SNP	93	G	3,4-69,6	A	Ts	s		0-24,6
SP154	009AF	CR	SNP	107	A	75,4-100	G	Ts	s		30,4-96,6
SP155	009AF	CR	SNP	117	C	48,2-100	A	Tv	n	M>I	0-24,6
SP156	009AF	CR	SNP	138	T	3,6-80,4	A	Tv	s		0,01-51,8
SP157	009AF	CR	SNP	141	C	76,7-100	or C	Ts	s		0-72
SP158	009AR	CR	SNP	3	A	50,5-98,9	A	Tv	s		19,6-49,4
SP159	009AR	CR	3NP	53-55	GCA	4,1-100	G	Ts	n	V>A	0-23,3
SP160	011AF	NC	SNP	67	A	49,9-85,9	TCG	-	n	C>Y	1,1-49,5
SP161	011AF	NC	indel	95	A	54,4-78,6	or GTA	-	n	C>R	0-95,2
SP162	011AF	NC	SNP	130	G	97,4-100	T	Tv	-		0,04-33,9
SP163	011AR	NC	SNP	5	C	60,4-98,3	AA	-	-		14,1-50,1
SP164	011AR	NC	4NP	36-39	CCCC	14,5-73,2	or -	-	-		11,1-40,7
SP165	011AR	NC	SNP	46	G	26,8-85,5	A	Ts	-		4,8-10,3
SP166	011AR	NC	SNP	63	G	98-100	A	Ts	-		0,03-2,6
SP167	011AR	NC	indel	95-96	AAGCATTTTTTAT GTCGGG	25,4-85,9	-	-	-		1,7-39,6
SP168	011AR	NC	SNP	102	G	25,4-85,9	T	Tv	-		14,2-71,2
SP169	011AR	NC	SNP	114	A	87,5-100	-	-	-		1,8-39,7
SP170	011AR	NC	SNP	122	A	25,4-85,9	T	Tv	-		14,5-73,2
SP171	011BF	NC	SNP	9	G	96,4-100	A	Ts	-		0-2
SP172	011BF	NC	SNP	18	G	87,3-100	T	Tv	-		14,1-74,6
SP173	011BF	NC	indel	34-42	TATGATAT	27,3-70,9	ATATGATG or ATATG	-	-		0-12,7
SP174	011BF	NC	SNP	62	T	27,3-70,9	C	Ts	-		10,2-71,6
SP175	011BF	NC	SNP	92	A	28,1-70,8	G	Ts	-		0,47-26,2
SP176	011BF	NC	SNP	97	G	28,1-70,8	T	Tv	-		29,1-72,7
SP177	011BF	NC	SNP	127	G	98,1-100	A	Ts	-		29,2-71,9
SP178	011BR	NC	SNP	31	T	28,9-76,5	C	Ts	-		29,2-71,9
SP179	011BR	NC	SNP	48	C	97,6-100	T	Ts	-		0-1,9
SP180	011BR	NC	SNP	78	A	43,4-98,8	C	Tv	-		23,6-71,1
SP181	011BR	NC	SNP	85	A	43,4-98,8	T	Tv	-		0-2,4
SP182	011BR	NC	SNP	91	A	45-96	G	Ts	-		1,2-56,6
SP183	011BR	NC	SNP	126	G	43,4-98,9	A	Ts	-		1,2-56,6
SP184	011BR	NC	SNP	139	C	43,3-98,9	T	Ts	-		4-55
SP185	013AF	CR	SNP	103	G	85,2-100	A	Ts	s		1,1-56,6
SP186	013AF	CR	SNP	125	G	71,2-100	A	Ts	n	D>N	0,03-14,8
SP187	013AF	CR	SNP	131	G	97,3-100	A	Ts	n	D>N	0,03-28,8
SP188	013AF	CR	SNP	146	G	92,6-99,9	A	Ts	n	G>R	0,03-2,7
SP189	013AR	CR	indel	29-46	GATGATGAGGATG CATTT	83,8-99,9	-	-	n	Δ 6 AA	0,03-16,1
SP190	013AR	CR	SNP	55	G	30,5-97,9	or GATGATGAAGATGCATTT	-	s	ORF	0,03-2,6
SP191	013AR	CR	SNP	63	T	30,5-97,9	A	Ts	s		2,1-69,5
SP192	013AR	CR	indel	79-80	-	30,5-97,9	G	Tv	n	F>C	2,1-69,5
SP193	013AR	CR	SNP	86	G	30,5-97,9	ACTGATGATAAAAATACA	-	n	Δ 6 AA	2,1-69,5
SP194	013AR	CR	SNP	112	G	68,1-100	A	Ts	n	D>N	2,1-69,5
SP195	013BF	NC	SNP	9	T	71,6-99,8	T	Tv	s		0-29
SP196	013BF	NC	SNP	22	C	19,3-100	or A	Ts	s		0-3
SP197	013BF	NC	SNP	33	T	47,6-100	C	Ts	-		0,21-28,4
SP198	013BF	NC	SNP	35	A	71,7-100	T	Ts	-		0-80,7
SP199	013BF	NC	SNP	49	C	39-100	C	Ts	-		0-52,4
SP200	013BF	NC	SNP	67	G	71,7-100	G	Ts	-		0-28,3
SP201	013BF	NC	3NP	82-84	GAT	19,3-100	T	Ts	-		0-28,3
SP202	013BF	NC	2NP	101-102	AA	19,2-99,9	TTC	-	-		0-80,7
SP203	013BF	NC	SNP	105	C	71,7-100	AG	Ts	-		0-80,7
							or GG	Ts	-		0,12-27,8
							T	Ts	-		0-28,3

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP204	013BF	NC	2NP	129-130	GC	19,3-100	GA or AC	Ts Ts	-		0-52,4 0-28,3
SP205	013BR	NC	SNP	7	A	18-100	T	Tv	-		0-82
SP206	013BR	NC	SNP	31	C	18-100	T	Ts	-		0-82
SP207	013BR	NC	SNP	55	G	46,6-100	A	Ts	-		0-53,4
SP208	013BR	NC	SNP	78	G	46,6-100	A	Ts	-		0-53,4
SP209	013BR	NC	SNP	97	G	18-100	A	Ts	-		0-82
SP210	013BR	NC	indel	142	T	39,2-94,1	-	-	-		5,9-60,8
SP211	013BR	NC	SNP	148	G	8,2-94,1	A	Ts	-		5,9-91,8
SP212	014AF	CR	SNP	75	T	62-100	A	Tv	n	L>H	0,03-38,1
SP213	014AR	NC	SNP	22	C	31,2-89,4	T	Ts	-		10,6-68,9
SP214	014AR	NC	SNP	36	C	85,8-100	T	Ts	-		0,01-14,2
SP215	014AR	NC	indel	107	T	97,1-98,3	-	-	-		1,7-2,9
SP216	016AF	CR	SNP	10	G	97,8-100	A	Ts	n	S>N	0-2,2
SP217	016AF	CR	SNP	12	C	94,8-100	T	Ts	n	Q>stop	0-5,2
SP218	016AF	CR	SNP	25	A	25,2-98,3	G	Ts	n	K>R	1,7-74,8
SP219	016AF	CR	SNP	50	A	25,3-98,2	G	Ts	s		1,8-74,7
SP220	016AF	CR	SNP	66	G	98,2-100	A	Ts	n	E>K	0,02-1,9
SP221	016AF	CR	SNP	106	C	97,1-100	T	Ts	n	S>L	0-2,9
SP222	016AF	CR	SNP	133	A	98-100	G	Ts	n	N>S	0-2
SP223	016AR	NC	indel	38	G	23,7-98,2	A or -	-	-		1,8-75,7 0,01-2,6
SP224	016AR	NC	indel	50-53	ATAA	23,7-98,2	-	-	-		1,8-76,3
SP225	016AR	NC	SNP	83	T	23,6-97,8	C	Ts	-		2,2-76,4
SP226	016AR	NC	SNP	121	G	96,8-100	A	Ts	-		0-3,2
SP227	016BF	CR	SNP	16	G	94,3-100	A	Ts	n	G>R	0,01-5,7
SP228	016BF	CR	SNP	42	C	45,1-76,2	T	Ts	s		23,8-55
SP229	016BR	CR	SNP	58	C	97,6-100	T	Ts	n	P>S	0,02-2,4
SP230	016BR	CR	SNP	115	G	97,2-100	A	Ts	n	E>K	0,03-2,8
SP231	016BR	CR	SNP	120	T	97,8-99,9	C	Ts	s		0,09-2,2
SP232	016BR	CR	SNP	126	T	47,9-94,5	C	Ts	s		5,5-52,1
SP233	017AF	NC	SNP	3	T	91,2-100	C	Ts	-		0-8,8
SP234	017AF	NC	3NP	29-31	ATG	63,1-100	GCA	-	-		0-36,9
SP235	017AF	NC	2NP	34-35	TT	41,3-88	TC or CC	Ts Ts	- -		12-44,6 0-45,7
SP236	017AF	NC	indel	42	A	42,4-79,4	-	-	-		20,6-57,6
SP237	017AF	NC	indel	48-49	AA	78,1-100	G	-	-		0-21,9
SP238	017AF	NC	SNP	55	A	91,2-100	G	Ts	-		0-8,8
SP239	017AF	NC	SNP	58	G	43,2-88,1	A	Ts	-		11,9-56,8
SP240	017AF	NC	indel	83-84	AATATTA	39-80,3	TTA or AGTATAT	- -	- -		19,7-61 0-30,7
SP241	017AF	NC	indel	138	AG	38,3-77,8	A or AAG or GG	- - -	- - -		20,6-60,9 0-14,3 0,37-1,7
SP242	017AR	NC	SNP	25	T	54,5-100	A	Tv	-		0-45,5
SP243	017AR	NC	2SP	50-51	GC	70,8-100	AC or GT	Ts Ts	- -		0-29,2 0,01-2,1
SP244	017AR	NC	SNP	55	A	64,3-100	G	Ts	-		0-35,7
SP245	017AR	NC	SNP	65	A	79,5-100	G	Ts	-		0-20,5
SP246	017AR	NC	SNP	67	G	55,6-100	T	Tv	-		0-44,4
SP247	017AR	NC	SNP	82	C	84,8-100	T	Ts	-		0-15,2
SP248	017AR	NC	2SP	84-85	GT	43,4-87,1	GC or AT	Ts Ts	- -		8,4-56,6 0-5,2
SP249	017AR	NC	indel	110	T	39,5-79,7	-	-	-		20,4-60,5
SP250	017AR	NC	SNP	115	A	84,8-100	G	Ts	-		0-15,2
SP251	017AR	NC	SNP	120	T	44,8-83,9	G	Tv	-		16,1-55,2
SP252	017AR	NC	SNP	123	G	70,8-100	A	Ts	-		0-29,2
SP253	019AF	CR	SNP	13	A	26,8-80,1	G	Ts	s		19,9-73,2
SP254	019AF	CR	SNP	67	G	92,3-100	A	Ts	s		0-7,7
SP255	019AF	CR	SNP	72	A	97,9-100	G	Ts	n	D>G	0-2,1
SP256	019AF	CR	SNP	76	A	17,4-74,4	G	Ts	s		25,6-82,6
SP257	019AF	CR	SNP	92	G	96,6-100	A	Ts	n	D>N	0,01-3,4
SP258	019AF	CR	indel	129-130	-	17,2-74,1	AGA	-	n	del E	25,9-82,8
SP259	019AR	CR	SNP	11	G	80,3-100	C	Tv	n	V>L	0,01-19,7
SP260	019AR	CR	SNP	14	A	97,9-99,9	G	Ts	n	I>V	0,11-2,1
SP261	019AR	CR	SNP	95	A	98,1-100	G	Ts	n	K>E	0-1,9
SP262	019AR	CR	SNP	128	G	98-100	A	Ts	n	V>I	0,04-2
SP263	019BF	CR	SNP	30	C	97,8-100	T	Ts	n	P>S	0-2,2
SP264	019BF	CR	SNP	63	A	68,8-99,9	G	Ts	n	T>A	0,07-31,2
SP265	019BF	CR	indel	89-90	-	56,9-79,1	ATGCCAGGTGGAAATTATCC AGGAAGCAAT	-	n	Δ 10 aa	20,9-43,1
SP266	019BR	CR	SNP	58	T	24,2-70	C	Ts	s		30-75,8
SP267	019BR	CR	SNP	73	G	47,7-73,5	A	Ts	s		26,5-52,3
SP268	019BR	CR	SNP	113	C	96-100	T	Ts	n	Q>stop	0-4
SP269	019CF	CR	SNP	20	G	91,4-100	A	Ts	n	R>K	0-8,6
SP270	019CF	CR	SNP	38	C	98,2-100	T	Ts	n	S>L	0-1,8

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP271	019CF	CR	SNP	86	C	93,2-100	T	Ts	n	P>L	0-6,8
SP272	019CF	CR	SNP	96	A	45,9-96,3	T	Tv	s		3,7-54,1
SP273	019CF	CR	SNP	120	G	12,5-100	T	Tv	s		0-84,6
							or A	Ts	s		0,03-55,3
SP274	019CF	CR	SNP	126	C	5-59,5	T	Ts	s		40,5-95,1
SP275	019CF	CR	SNP	130	G	96,7-100	A	Ts	n	D>N	0-3,3
SP276	019CF	CR	SNP	133	G	96,8-100	A	Ts	n	G>S	0,01-3,2
SP277	019CF	CR	SNP	144	C	15,4-100	T	Ts	s		0-84,6
SP278	019CR	CR	SNP	44	G	98,2-100	A	Ts	n	V>I	0-1,8
SP279	019CR	CR	SNP	73	T	18,6-100	C	Ts	s		0,01-81,4
SP280	019CR	CR	SNP	78	A	98,2-100	G	Ts	n	E>G	0,03-1,8
SP281	019CR	CR	SNP	99	C	96,7-100	T	Ts	n	S>L	0-3,3
SP282	019CR	CR	SNP	110	A	13,4-85,6	G	Ts	n	I>V	14,4-86,7
SP283	019CR	CR	SNP	143	G	91,3-100	A	Ts	n	G>R	0-8,7
SP284	020AF	CR	2NP	15-16	CG	34,8-96,2	TG	Ts	n	S>L	3,8-65,2
							or CA	Ts	s		0-2,7
SP285	020AF	CR	SNP	35	C	94,8-100	T	Ts	n	M>V	0-5,2
SP286	020AF	CR	SNP	38	C	48,6-100	T	Ts	n	M>V	0-51,4
SP287	020AF	CR	SNP	61	T	37-96,1	C	Ts	n	Y>C	3,9-63
SP288	020AF	CR	SNP	63	C	95-100	T	Ts	n	M>I	0-5
SP289	020AF	CR	SNP	106	T	24,7-96	C	Ts	n	E>G	4-75,3
SP290	020AF	CR	SNP	110	C	93,6-100	A	Tv	n	V>F	0-6,4
SP291	020AR	NC	indel	48-49	-	44,8-96,7	A	-	-		3,3-55,3
SP292	020AR	NC	indel	85-86	-	40,8-88,8	GA	-	-		11,2-59,2
SP293	020AR	NC	SNP	90	A	40,8-88,8	G	Ts	-		11,2-59,2
SP294	020AR	NC	SNP	98	T	43,8-96	C	Ts	-		4,1-56,2
SP295	020AR	NC	2NP	103-104	GA	40,8-88,8	GG	Ts	-		11,2-59,1
							or TG	Tv	-		0-3
SP296	020AR	NC	indel	111	-	40,8-88,8	C	-	-		11,2-59,2
SP297	020AR	NC	2NP	114-115	CA	11,2-59,2	CG	Ts	-		6,7-60,8
							or TG	Ts	-		3,5-58,5
SP298	020AR	NC	SNP	117	T	40,8-88,8	C	Ts	-		11,2-59,2
SP299	020AR	NC	SNP	123	A	96,5-100	G	Ts	-		0,01-3,5
SP300	021AF	CR	SNP	10	A	80,1-100	T	Tv	n	E>V	0-19,9
SP301	021AF	CR	SNP	17	C	18,7-96,8	T	Ts	s		3,2-81,3
SP302	021AF	CR	SNP	35	G	26,3-88,4	A	Ts	s		11,6-73,7
SP303	021AF	CR	SNP	63	A	21,9-98,7	G	Ts	n	I>V	1,3-78,1
SP304	021AF	CR	SNP	68	A	68,1-100	G	Ts	s		0-31,9
SP305	021AF	CR	SNP	77	T	21,9-98,7	C	Ts	s		1,3-78,1
SP306	021AF	CR	SNP	80	G	97,1-100	A	Ts	s		0-2,9
SP307	021AF	CR	SNP	91	C	97,4-100	T	Ts	n	S>L	0-2,6
SP308	021AF	CR	SNP	118	A	48,2-100	G	Ts	n	K>R	0-51,8
SP309	021AF	CR	SNP	124	A	68,1-100	G	Ts	n	N>S	0-31,9
SP310	021AF	CR	SNP	144	T	43,8-84,8	C	Ts	s		15,2-56,2
SP311	021AR	CR	SNP	17	C	24,2-100	T	Ts	s		0-75,8
SP312	021AR	CR	SNP	54	A	97,9-100	G	Ts	n	K>E	0-2,1
SP313	021AR	CR	SNP	66	T	53,1-99	C	Ts	n	S>P	1-46,9
SP314	021AR	CR	SNP	74	G	16,4-95,1	A	Ts	s		5-83,6
SP315	021AR	CR	SNP	100	G	11,3-74,4	A	Ts	n	G>E	25,6-88,7
SP316	021AR	CR	SNP	135	G	88,8-100	A	Ts	n	E>K	0,01-11,2
SP317	021BF	CR	SNP	6	T	86,4-100	G	Tv	n	L>V	0,05-13,6
SP318	021BF	CR	SNP	54	G	97,7-100	A	Ts	n	D>N	0-2,3
SP319	021BF	CR	SNP	86	G	93,4-100	A	Ts	s		0,02-6,6
SP320	021BF	CR	SNP	104	A	98,2-100	G	Ts	s		0-1,8
SP321	021BF	CR	SNP	149	G	18,5-75,9	A	Ts	s		24,1-81,5
SP322	021BR	CR	2NP	4-5	CG	96,3-100	TG	Ts	s		0-2
							or CA	Ts	n	V>I	0-1,7
SP323	021BR	CR	SNP	49	A	14,7-75,9	G	Ts	s		24,1-85,3
SP324	021BR	CR	SNP	147	C	97,8-100	T	Ts	n	S>L	0,01-2,2
SP325	025AF	CR	SNP	15	A	85,8-100	G	Ts	s		0-14,3
SP326	025AF	CR	SNP	32	G	96,2-100	A	Ts	n	R>K	0-3,8
SP327	025AF	CR	SNP	54	C	57,5-95,4	T	Ts	s		4,6-42,5
SP328	025AF	CR	SNP	78	C	49,9-80	T	Ts	s		20-50,1
SP329	025AF	CR	SNP	106	G	96,2-100	A	Ts	n	E>K	0-3,8
SP330	025AR	CR	SNP	28	C	79,4-99,9	T	Ts	n	A>V	0,12-20,7
SP331	025AR	CR	SNP	38	A	82,3-99,9	G	Ts	s		0,1-17,7
SP332	025AR	CR	SNP	140	G	67,4-100	A	Ts	s		0-32,6
SP333	034AF	NC	SNP	80	T	8,3-100	C	Ts			0,03-91,7
SP334	034AF	NC	indel	133-134	A	5,7-79,1	TAT	-			20,9-94,3
SP335	034AR	CR	SNP	23	T	6,8-76,2	C	Ts	s		23,9-93,2
SP336	034AR	CR	SNP	41	G	10,3-100	A	Ts	s		0-89,7
SP337	034AR	CR	SNP	71	G	8,5-95,8	A	Ts	s		4,2-91,6
SP338	034AR	CR	SNP	80	T	83,6-100	C	Ts	s		0,01-16,4
SP339	034AR	CR	2NP	105-106	TC	53,8-100	CT	Ts	n	S>L	0-46,2
SP340	034AR	CR	SNP	114	T	86,2-100	C	Ts	n	S>P	0-13,9
SP341	034AR	CR	SNP	149	T	86,2-100	A	Tv	s		0-13,9
SP342	036AF	CR	SNP	4	A	96,7-100	G	Ts	s		0-3,3

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP343	036AF	CR	SNP	63	C	50,8-85,2	T	Ts	s		14,8-49,2
SP344	036AF	CR	SNP	68	G	50,8-85,2	A	Ts	s		14,8-49,2
SP345	036AR	CR	SNP	78	G	97,5-100	A	Ts	n	D>N	0-2,5
SP346	036AR	CR	SNP	103	G	97,5-100	A	Ts	n	C>Y	0,02-2,5
SP347	036AR	CR	SNP	110	T	41,8-83,8	C	Ts	s		16,3-58,2
SP348	041AF	CR	SNP	115	C	34,5-78,1	T	Ts	n	L>F	21,9-65,5
SP349	041AF	CR	SNP	129	T	98,1-100	C	Ts	s		0,04-1,9
SP350	041AF	CR	SNP	147	A	34,5-78,5	G	Ts	s		21,5-65,5
SP351	041AR	CR	SNP	30	G	34,4-82,6	A	Ts	n	E>K	17,4-65,6
SP352	041AR	CR	SNP	46	C	93,8-100	T	Ts	n	A>V	0-6,2
SP353	041AR	CR	SNP	63	G	34,3-82,7	A	Ts	n	V>I	17,3-65,7
SP354	041AR	CR	2NP	65-66	TC	34,3-82,7	CC	Ts	s		17,3-65,7
							TT	Ts	n	P>S	0-17,2
SP355	041AR	CR	SNP	78	G	97,6-100	A	Ts	n	A>T	0,02-2,4
SP356	041AR	CR	SNP	81	C	34-82,2	A	Tv	n	L>I	17,8-66,1
SP357	043AF	MS	indel/MS	13-14	TAAATAAA	30,6-85,9	-	-	-		8,4-56,9
							or TAAA	-	-		1,3-42,1
SP358	043AF	MS	2NP	34-35	TG	36,7-87,5	CG	Ts	-		1-42,4
							or TA	Ts	-		6,8-34
SP359	043AF	MS	SNP	46	C	97,6-100	T	Ts	-		0-2,4
SP360	043AF	MS	SNP	49	T	55,2-99	C	Ts	-		1-44,9
SP361	043AF	MS	2NP	63-64	GG	57,6-99	AA	Ts	-		1-42,4
SP362	043AF	MS	SNP	101	A	70,7-100	C	Tv	-		0-29,3
SP363	043AF	MS	SNP	105	C	60,8-100	A	Tv	-		0-39,2
SP364	043AF	MS	SNP	110	G	97,2-100	A	Ts	-		0-2,9
SP365	043AF	MS	2NP	123-124	GA	18,5-85,3	AG	-	-		14,7-81,5
SP366	043AR	NC	SNP	44	A	18-97,5	G	Ts	-		2,6-82
SP367	043AR	NC	indel	51	G	81,2-100	-	-	-		0-18,8
SP368	043AR	NC	SNP	56	T	81,2-100	C	Ts	-		0-18,8
SP369	043AR	NC	SNP	58	G	22,9-100	A	Ts	-		0-77,1
SP370	043AR	NC	SNP	66	G	97,6-100	A	Ts	-		0-2,5
SP371	043AR	NC	SNP	119	T	18,1-96,9	G	Tv	-		3,1-81,9
SP372	043AR	NC	SNP	144	T	16,7-96,9	A	Tv	-		3,2-83,3
SP373	049AF	CR	SNP	28	G	41,9-62,2	A	Ts	s		37,8-58,1
SP374	049AF	CR	SNP	32	G	94,5-100	A	Ts	n	D>N	0-5,5
SP375	049AF	CR	SNP	60	C	97,3-100	T	Ts	n	T>I	0-2,7
SP376	049AF	CR	SNP	138	A	43,9-62,2	G	Ts	n	R>K	37,8-56,1
SP377	049AR	CR	SNP	4	G	40,9-59,9	A	Ts	s		40,1-59,1
SP378	049AR	CR	SNP	23	G	40,9-60,3	A	Ts	n	E>K	39,8-59,1
SP379	049AR	CR	SNP	28	G	97,1-100	A	Ts	s		0,02-2,9
SP380	049AR	CR	SNP	103	G	95,2-100	A	Ts	s		0-4,8
SP381	049AR	CR	SNP	147	T	91,7-99,9	C	Ts	n	I>T	0,14-8,3
SP382	052AF	MS	SNP	9	C	73,7-95,7	T	Ts	-		4,3-26,3
SP383	052AF	MS	SNP	35	T	83-99,5	C	Ts	-		0,52-15,1
							or A	Tv	-		0-9,6
SP384	052AF	MS	indel	41	C	83-99,5	-	-	-		0,52-17
SP385	052AF	MS	SNP	51	C	79,6-99,5	A	Tv	-		0,52-17
							or T	Ts	-		0-3,4
SP386	052AF	MS	indel/MS	75-90	(GT)1 (AT)6	62,4-88,8	(GT)1 (AT)7	-	-		3,4-16,4
							or (AT)3 (GT)1(AT)5	-	-		0,52-15,1
							or (AT)2 (GT)1(AT)5	-	-		0-9,6
							or GT)1 (AT)5	-	-		2,6-6,2
SP387	052AF	MS	SNP	91	T	90,4-100	C	Ts	-		0-9,6
SP388	052AF	MS	SNP	99	A	52,4-82,9	T	Tv	-		17,1-47,6
SP389	052AF	MS	SNP	132	C	96,6-100	T	Ts	-		0-3,4
SP390	052AR	NC	SNP	12	C	94,8-100	T	Ts	-		0-5,2
SP391	052AR	NC	SNP	22	A	80,1-100	G	Ts	-		0-20
SP392	052AR	NC	SNP	31	A	59,3-88,3	T	Tv	-		11,7-40,7
SP393	052AR	NC	SNP	33	C	96,7-100	T	Ts	-		0-3,3
SP394	052AR	NC	SNP	37	A	94,1-99,7	G	Ts	-		0,33-5,9
SP395	052AR	NC	SNP	40	C	94,1-99,7	T	Ts	-		0,33-5,9
SP396	052AR	NC	SNP	48	C	94,1-99,7	T	Ts	-		0,33-5,9
SP397	052AR	NC	SNP	54	C	94,1-99,7	G	Tv	-		0,33-5,9
SP398	052AR	NC	SNP	58	A	94,1-99,7	G	Ts	-		0,33-5,9
SP399	052AR	NC	SNP	71	T	90-100	G	Tv	-		0-10
SP400	052AR	NC	SNP	104	T	94,8-100	C	Ts	-		0-5,2
SP401	052AR	NC	SNP	113	C	34,8-73,2	G	Tv	-		26,8-65,2
SP402	052AR	NC	SNP	116	C	63,5-90,7	T	Ts	-		2,3-29,5
							or A	Tv	-		0-19,3
SP403	052AR	NC	indel	12-129	TT	40-66,2	-	-	-		33,8-60
SP406	105AF	MS	SNP	50	G	48,8-96,2	A	Ts	-		3,9-51,2
SP407	105AF	MS	indel	93	-	72,9-98,3	AG	-	-		1,7-27,1
SP408	105AF	MS	indel	94	-	13-94,3	(AT)1	-	-		2,5-55
							or (AT)2	-	-		1,8-27
							or (AT)3	-	-		0,73-19,1
							or (AT)4	-	-		0-2,4
SP409	105AF	MS	SNP	126	G	48,9-95,6	A	Ts	-		4,4-51,1

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP410	105AF	MS	SNP	135	G	48,9-95,6	A	Ts	-		4,4-51,1
SP411	105AR	NC	SNP	5	A	48,8-92,2	G	Ts	-		7,8-51,2
SP412	105AR	NC	SNP	62	A	48,7-92,1	G	Ts	-		7,9-51,4
SP413	105AR	NC	SNP	74	A	41,2-98	G	Ts	-		2-58,8
SP414	105AR	NC	SNP	93	G	88,4-100	A	Ts	-		0-11,6
SP415	105AR	NC	SNP	126	G	40,6-98,1	A	Ts	-		1,9-59,4
SP416	105AR	NC	SNP	130	G	40,6-98,1	A	Ts	-		1,9-59,4
SP417	143AF	MS	indel/MS	23-24	(AT)1	33,2-84,7	(AT)3 or (AT)2 or (AT)7 or (AT)4-6 or -	- - - - -	- - - - -		2,2-14,8 1,3-4,7 0,42-6 0,76-49,2 2,8-6,8
SP418	143AF	MS	SNP	38	G	90,5-100	A	Ts	-		0-9,5
SP419	143AF	MS	SNP	88	T	95,8-100	G	Tv	-		0-4,2
SP420	143AF	MS	SNP	100	A	96,9-100	G	Ts	-		0-3,1
SP421	143AR	NC	SNP	33	A	60,4-100	C	Tv	-		0-39,6
SP422	143AR	NC	SNP	59	A	96,5-100	G	Ts	-		0-3,5
SP423	143AR	NC	indel	63	A	30,5-83	- or AA or AAA	- - -	- - -		0,82-2,5 15,1-67 0,29-2,7
SP424	143AR	NC	SNP	74	G	24,1-82,6	A	Ts	-		17,4-75,9
SP425	149AF	NC	SNP	25	C	96,8-100	T	Ts	-		0-3,2
SP426	149AF	NC	SNP	29	A	97,3-99,9	G	Ts	-		0,06-2,7
SP427	149AF	NC	SNP	31	T	37,8-100	A	Tv	-		0-62,2
SP428	149AF	NC	SNP	40	C	89,4-100	T	Ts	-		0-10,6
SP429	149AF	NC	SNP	45	A	93,4-100	C	Tv	-		0-6,6
SP430	149AF	NC	indel	51-52	-	78,9-100	T	-	-		0-21,1
SP431	149AF	NC	SNP	62	A	89,4-100	G	Ts	-		0-10,6
SP432	149AF	NC	SNP	80	C	96,8-100	T	Ts	-		0-3,2
SP433	149AF	NC	2NP	96-97	AA	28,4-96,1	TT or A AA or TG	- - - -	- - - -		0-62,2 3,5-36,1 0-21,1 0-6,6
SP434	149AF	NC	2NP	100-101	GA	72,3-100	T	Ts	-		0-30,6
SP435	149AF	NC	SNP	123	C	69,4-100	GA	Ts	-		10-42,4
SP436	149AF	NC	2NP	127-128	GG	57,6-88,3	or AG AC or T	Ts - -	- - -		0-4,9 1,3-14,4 0,77-13,1
SP437	149AF	NC	2NP	142-143	AT	79,2-97,4					
SP438	149AR	MS	SNP	13	G	82,6-99,7	T	Tv	-		0,32-17,4
SP439	149AR	MS	SNP	18	C	51,3-100	T	Ts	-		0-48,7
SP440	149AR	MS	SNP	20	C	97,6-100	T	Ts	-		0-2,4
SP441	149AR	MS	SNP	33	G	56,3-95,9	A	Ts	-		4,1-43,7
SP442	149AR	MS	SNP	37	T	62-95,2	C	Ts	-		4,8-38
SP443	149AR	MS	SNP	55	C	42,5-100	T	Ts	-		0-57,5
SP444	149AR	MS	indel/MS	68-71	(AT)2	50,6-89,1	(AT)4 (AT)3 (AT)1 -	- - - -	- - - -		4,7-40 0,63-6,1 1,5-5,4 0-25,2
SP445	149AR	MS	SNP		T	84,1-98,9	C	-	-		1,1-15,9
SP446	149AR	MS	SNP	84	C	96,4-100	T	Ts	-		0-3,6
SP447	149AR	MS	2NP	86-87	AC	67,8-100	TT	-	-		0-32,2
SP448	149AR	MS	indel	92	A	67,8-100	-	-	-		0-32,2
SP449	149AR	MS	SNP	120	A	42,5-100	G	Ts	-		0-57,5
SP450	149AR	MS	SNP	124	A	41,9-99,8	G	Ts	-		0,24-58,2
SP451	149AR	MS	SNP	129	C	78,6-99,9	T	Ts	-		0,15-21,4
SP452	149AR	MS	SNP	145	T	80,5-98,7	A	Tv	-		1,3-19,5
SP453	174AF	MS	SNP	1	G	54,2-96,5	T or A	Tv Ts	- -		3,6-45,8 0-20,6
SP454	174AF	MS	SNP	8	A	97,1-100	G	Ts	-		0-2,9
SP455	174AF	MS	SNP	21	T	95-100	C	Ts	-		0,01-5
SP456	174AF	MS	2NP	29	TC	55,3-88,9	GA	-	-		11,2-44,7
SP457	174AF	MS	indel/MS	130-131	(TA)1	17,5-76,7	(TA)6 or (TA)7 or (TA)5 or (TA)8 or (TA)0,2-4	- - - - -	- - - - -		2,9-34 5-25,4 2,6-22,6 1,6-15,5 1,4-14,5
SP458	174AR	NC	SNP	28	A	48,4-88,3	G	Ts	-		11,7-51,7
SP459	174AR	NC	SNP	48-49	-	50,9-95,2	T	-	-		4,8-49,1
SP460	174AR	NC	SNP	62	T	44,6-91,1	A	Tv	-		8,9-55,4
SP461	174AR	NC	SNP	64	C	46,7-76,8	A	Tv	-		23,2-53,3
SP462	174AR	NC	SNP	126	C	91,2-100	T	Ts	-		0-8,8
SP463	174AR	NC	SNP	143	C	94,2-100	T	Ts	-		0-5,8
SP464	185AF	MS	indel/MS	77-82	(AT)3	14,7-68,4	(AT)4 or (AT)1 or (AT)2 or (AT)5 or -	- - - - -	- - - - -		6,6-59,7 1,1-51,5 5,6-36,5 1,4-8,3 0,15-10,7

SP #	Marker name	Marker type	SP type	Position (hap1)	Dominant character		Modified character's				
					sequence	min-max %	sequence	Ts/Tv	Syn	nSyn	% min-max
SP465	185AR	NC	SNP	30	C	92,1-100	T	Ts	-		0-7,9
SP466	185AR	NC	SNP	37	C	97,8-100	T	Ts	-		0-2,2
SP467	185AR	NC	SNP	45	G	95,9-100	A	Ts	-		0,05-4,1
SP468	185AR	NC	SNP	57	G	88,6-100	A	Ts	-		0-11,4
SP469	185AR	NC	SNP	93	G	96,6-100	A	Ts	-		0-3,4
SP470	185AR	NC	indel	121	A	89,1-93,3	-	-	-		4,7-7,8
							or AA	-	-		2-3,9
SP471	185AR	NC	SNP	134	G	91,3-100	A	Ts	-		0-8,7
SP472	185AR	NC	SNP	139	G	88,6-100	T	Tv	-		0-11,4
SP473	185AR	NC	SNP	146	G	98,1-100	A	Ts	-		0,03-1,9
SP474	185AR	NC	SNP	150	T	97,2-99,4	C	Ts	-		0,65-2,8
SP475	386AF	CR	SNP	2	G	61,3-95,5	A	Ts	s		4,5-38,7
SP476	386AF	CR	3NP	10-12	CAC	43,6-85,7	TAC	-	n	P>L	0,39-42,6
							or CAT	-	s		0,54-31,7
							or CGC	-	s		0-11,1
SP477	386AF	CR	SNP	18	G	96,7-100	A	Ts	n	D>N	0-3,3
SP478	386AF	CR	SNP	25	A	22,7-95,3	C	Tv	n	K>T	4,8-77,3
SP479	386AF	CR	SNP	48	A	54,8-85,7	G	Ts	n	I>V	14,3-45,3
SP480	386AF	CR	2NP	54-55	CC	33,8-95,3	TC	Ts	n	P>S	3,1-48,7
							or TT	Ts	n	P>F	0,54-31,7
SP481	386AF	CR	SNP	79	G	51-98,3	A	Ts	n	S>N	1,8-49
SP482	386AF	CR	SNP	86	A	57,4-99,6	G	Ts	s		0,41-42,6
SP483	386AF	CR	SNP	95	T	28,3-66,6	C	Ts	s		33,4-71,8
SP484	386AF	CR	SNP	106	A	28,3-66,6	C	Tv	n	N>T	33,4-71,8
SP485	386AF	CR	SNP	141	C	97,9-100	T	Ts	n	stop	0-2,1

Table S6. Types of polymorphic sites in isolates.

Isolate	number of transitions for one transversion			number of synonymous for one non synonymous change
	all markers	non coding markers	coding markers	
Ador	3,70	2,74	5,67	1,29
Acer1.1	3,06	1,84	6,81	1,35
GRE5.6	3,69	2,10	7,03	1,08
CAR2.1	3,51	2,00	8,50	1,44
POR	3,14	1,80	7,42	1,36
RUN0065	3,19	1,86	6,51	1,29
RUN0067	3,58	2,08	8,32	1,49
RUN0109	3,32	1,94	7,59	1,38
RUN0281	3,44	1,88	8,26	1,45
RUN1041	3,31	1,88	7,32	1,35
RUN1050	3,60	2,08	7,40	1,31
RUN1132	3,34	1,85	7,71	1,40
RUN1232	3,22	1,59	9,12	1,24
RUN1578	3,24	1,87	6,92	1,24
MU011I	3,27	1,81	7,93	1,36
MU025I	3,15	1,78	7,23	1,32
MU040I	3,28	1,83	7,70	1,36
ROD001	3,30	1,95	7,68	1,40
ROD200	3,57	2,16	8,53	1,54
COM11	3,30	2,01	7,28	1,40
COM12	3,07	1,84	6,52	1,31
COM18	3,15	1,88	6,24	1,29
COM28	3,29	1,86	7,13	1,29
COM59	3,15	1,87	6,64	1,40
COM72	3,24	2,09	6,62	1,35
MAY35	3,49	2,08	7,31	1,38
SEY059	3,16	1,90	6,75	1,44
SEY141	3,29	2,08	6,98	1,50
SEY144	2,99	1,80	6,63	1,42
ISM03	3,25	1,75	7,42	1,46
ISM04	3,10	1,74	6,47	1,37
MAD26.1	3,66	2,10	7,49	1,22
MAD30.2	2,87	1,69	6,25	1,31
Whole dataset	3,30	1,94	7,16	1,35

Table S7. Tags and libraries. Tags were tag0: GTCA, tag5: CGAT, and tag6: TGTG. Libraries contained equimolar amplification products from three samples. The clonal control was untagged and dispatched in all libraries.

Sample	Tag	Library
① RUN0065	Tag0	in library 2
② RUN0067	Tag5	in library 11
③ RUN0109	Tag5	in library 1
④ RUN0281	Tag0	in library 1
⑤ RUN1041	Tag0	in library 3
⑥ RUN1050	Tag5	in library 3
⑦ RUN1132	Tag6	in library 1
⑧ RUN1232	Tag6	in library 2
⑨ RUN1578	Tag5	in library 2
① MU011I-#2	Tag0	in library 4
② MU025I-#1	Tag5	in library 4
③ MU040I-#3	Tag6	in library 4
④ ROD001	Tag0	in library 5
⑤ ROD200	Tag5	in library 5
① COM11_Mi2	Tag0	in library 7
② COM12_Mn1	Tag5	in library 7
③ COM18_Bi1	Tag0	in library 8
④ COM28_V2	Tag6	in library 7
⑤ COM59_A3.1	Tag5	in library 8
⑥ COM72_WaMi1	Tag6	in library 8
⑦ MAY35	Tag6	in library 3
① SEY059	Tag0	in library 6
② SEY141	Tag5	in library 6
③ SEY144	Tag6	in library 6
① ISM03	Tag6	in library 9
② ISM04	Tag6	in library 5
③ MAD26.1	Tag0	in library 9
④ MAD30.2	Tag5	in library 9
① GRE5.6	Tag6	in library 10
② CAR2.1	Tag5	in library 10
③ POR_06	Tag0	in library 10
© Acer1.1	Tag0	in library 11
© Ador	Tag6	in library 11
Control (Bla)	none	in all libraries