

Population genetics for inferring introduction sources of the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis*: A test for quarantine use in Korea

Hyojoong Kim ^{1,*}, Sohee Kim ^{1,2,†}, Sangjin Kim ¹, Yerim Lee ^{1,*}, Heung-Sik Lee ^{2,*}, Seong-Jin Lee ², Deuksoo Choi ², Jaeyong Jeon ² and Jong-Ho Lee ²

¹ Animal Systematics Laboratory, Department of Biology, Kunsan National University, Gunsan, Jeonbuk 54150, Korea

² Animal & Plant Quarantine Agency, Gimcheon, Gyeongbuk 39660, Korea

[†] These authors contributed equally

* Correspondence: HK: hkim@kunsan.ac.kr; YL: yleeii@snu.ac.kr; H-S: lhsgo@korea.kr

Supplementary material 2: Tables S1-S7

Table S1. Collection data for oriental fruit fly (*Bactrocera dorsalis*) analyzed in this study. † Abbreviations for collectors: APQA = Animal and plant quarantine agency of Korea; JJ = Jaeyong Jeon; HN = Hyeban Namgung; HK = Hyojoong Kim; DC = Deuksu Choi; SL = Seong-Jin Lee; JL = Jong-Ho Lee.

Pop. ID	Country	Collection site	No.	Latitude, longitude	Date (DD/MM/YYYY)	Collected by†
KR 001	Korea	Quarantine-detected group 1	9	N/A	02/09/2016	APQA
		(Siheung, Gyeonggi)	(3)		07/06/2016	
		(Ansan, Gyeonggi)	(1)		24/08/2016	
		(Gimhae, Gyeongbuk)	(3)		11/09/2015, 06/10/2015	
KR 002	Korea	(Incheon, Gyeonggi)	(2)	N/A	26/09/2015~16/10/2015	APQA
		Quarantine-detected group 2	10			
KR 003	Korea	(Jeju, Jeju)	(10)	N/A	2015~2017	APQA
		Quarantine-detected group 3	5			
		(Seogwipo, Jeju)	(4)			
KR 004	Korea	(Uijeongbu, Gyeonggi)	(1)	N/A	03/08/2017	APQA
		Quarantine-detected group 4	2			
TW CHU	Taiwan	(Uijeongbu, Gyeonggi)				
TW JIA	Taiwan	Chung Hsing university, Taichung	7	24°07'23.5"N 120°40'32.9"E	18/11/2016	APQA
TW KAO	Taiwan	City of Jiayi (Chiayi)	8	23°26'29.2"N 120°30'29.4"E	10/11/2016	APQA
TW TIC	Taiwan	Kaohsiung	20	22°44'06.5"N 120°22'23.6"E	09/11/2016	APQA
TW TIN	Taiwan	Taichung City	20	24°08'08.9"N 120°41'08.9"E	10/11/2016	APQA
TW TIP	Taiwan	Tainan, Dōngshān Qū	20	23°17'13.8"N 120°23'57.6"E	09/11/2016	APQA
CN FJS	China	Taipei City	15	25°01'47.0"N 121°32'08.7"E	11/11/2016	APQA
CN SHA	China	Fújiàn Shěng	24	24°53'11.0"N 118°39'17.6"E	28/08/2016	JJ
CN YUN	China	Shànghǎi,	1	31°13'50.5"N 121°28'22.2"E	28/08/2016	JJ
VN BC1	Vietnam	Yúnnán Shěng	24	23°34'21.6"N 104°19'36.9"E	08/08/2017	JJ
VN BC2	Vietnam	Bồ hồ, Cúc Phương	18	20°15'30.7"N 105°42'26.6"E	09/05/2017	HN
VN HCM	Vietnam	Bồ hồ, Cúc Phương	13	20°15'30.7"N 105°42'26.6"E	11/05/2017	HN
LA VI1	Laos	Hồ Chí Minh	18	10°46'37.3"N 106°41'00.5"E	10/12/2015	HK
LA VI2	Laos	Vientiane	24	17°58'32.1"N 102°37'53.2"E	14/12/2016	APQA
LA VI3	Laos	Vientiane	24	17°58'32.1"N 102°37'53.2"E	04/01/2017	APQA
MM YAN	Myanmar	Vientiane	24	17°58'32.1"N 102°37'53.2"E	01/02/2017	APQA
TH BAN	Thailand	Yangan	25	16°49'59.7"N 96°07'12.5"E	25/01/2016	SL
TH CHA	Thailand	Maruay Garden Hotel	5	13°50'42.8"N 100°34'47.8"E	28/11/2016	APQA
TH DA1	Thailand	Plant Pest Surveillance Section	4	12°37'06.4"N 102°06'58.0"E	28/11/2016	APQA
TH DA2	Thailand	Department of Agriculture	20	13°50'53.9"N 100°34'26.1"E	28/11/2016	APQA
KH PNP	Cambodia	Department of Agriculture	16	13°50'53.9"N 100°34'26.1"E	29/11/2016	APQA
IN DEL	India	Phnom penh	1	11°33'37.4"N 104°55'18.5"E	11/09/2016	SL
NP POK	Nepal	Delhi	9	28°35'49.7"N 77°11'47.9"E	09/11/2016	APQA
PH BUS	Philippines	Pokhara	1	28°14'05.2"N 83°59'44.9"E	20/09/2016	DC
PH GUG	Philippines	Busuanga	4	12°09'28.6"N 119°55'08.4"E	19/12/2015	SL
PH GUZ	Philippines	Guimaras	24	10°36'10.1"N 122°35'19.1"E	18/12/2015	SL
PH LU1	Philippines	Guimaras Zempkamps	8	10°36'11.5"N 122°35'20.0"E	19/12/2015	SL
PH LU2	Philippines	Manila PEQS	6	14°35'07.1"N 120°58'34.5"E	16/12/2015	SL
PH LU3	Philippines	Manila Tropicana Suites	13	14°34'28.6"N 120°59'12.2"E	17/12/2015	SL
PH MIN	Philippines	Manila	28	14°35'07.1"N 120°58'34.5"E	20/12/2015	SL
PH PA1	Philippines	Zamboanga	13	6°55'45.1"N 122°06'16.6"E	21/12/2015	SL
PH PA2	Philippines	ILOILO NPQS Station	6	10°43'08.2"N 122°34'49.5"E	17/12/2015	SL
PH PA3	Philippines	ILOILO NPQS Station	22	10°43'08.2"N 122°34'49.5"E	19/12/2015	SL
PH PA4	Philippines	ILOILO LEON Province	8	10°46'51.4"N 122°23'19.5"E	19/12/2015	SL
PH PA5	Philippines	ILOILO PAVIA	9	10°46'05.0"N 122°32'08.8"E	19/12/2015	SL
MY PEN	Malaysia	ILOILO	33	10°42'16.3"N 122°33'03.4"E	20/12/2015	SL
		Pinang	24	5°21'37.8"N 100°18'19.1"E	07/07/2017	JL

Table S2. Microsatellite loci and primer sequences and multiplex PCR primer set used in this study. Set; unit of multiplex PCR and capillary electrophoresis injection.

Set	No.	Locus	Repeat motif	Primer sequence 5'-3'	Size range (in bp)	Tm °C	NA	GenBank Accession code	References
(A)	1	Bp200_FAM	(CA) ₅	CGTTACGTTGGTTGCACGTAG	108–110	61.3	4	AY847282	Shearman <i>et al.</i> 2006
		Bp200_R		CAACACGGCCACACATTCATTG		61.3			
	2	Bi4_VIC	(CT) ₆ GCT	GCACTCGCATGCTTGAGTC	123-126	60.5	4	EU868615	Khamis <i>et al.</i> 2008
		Bi4_R		CCGGTTTTGTGCGAAAAG		53.9			
	3	Bt5.8a_NED	(TG) ₉	CACGACGTATGATTCAATTGC	133	58.4	4		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt5.8a_R		GCTTACTGCAATTCCTCCTC		59.4			
	4	Bt4_FAM	(GT) ₅	AGTGGGTGTGCTCATTAC	120-126	58.4	4		Kinnear <i>et al.</i> 1998
		Bt4_R		AATGGCTAACGTGCGCGA		60.5			
(B)	5	Bi8_VIC	(AC) ₅ AT(AC) ₂	ACAAGTGCAGCAAAGACACG	118-138	58.4	7	EU868619	Khamis <i>et al.</i> 2008
		Bi8_R		ATCACATCATGAGCGTTCA		56.4			
	6	Bt6.8a_NED	(CAT) ₅	AGCAACACTATAGGCTGGTC	147	58.4	3		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt6.8a_R		GTAACGCGTTACTGTCATTG		56.4			
	7	Boms3a_PET	(TA) ₂ TG(TA)CA(TA) ₃ A ₂ (TG) ₃ CA(TG)(TC) ₂ (TA) ₂ (TG) ₇	CAGTCGCCCTTTAATTGTC	176	55.2	4	EU489747	Augustinos <i>et al.</i> 2008
		Boms3a_R		GGGTCCTTTTGTTCTCAGG		57.3			
	8	Bi7_FAM	(CA) ₃ A(CA) ₂	CTCGCTCTTCAATCCA	107-118	56.4	5	EU868618	Khamis <i>et al.</i> 2008
		Bi7_R		CGACACGTTAAGTGCAAAA		56.4			
(C)	9	Bt9.1a_VIC	(AC) ₁₁	ACAAATGGCGTGGCATGTC	142	57.3	5		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt9.1a_R		TGTGCGCTAACAATCTAACGC		59.4			
	10	Bt7.2b_NED	(CA) ₆ CG(CA) ₃	GCGATCCAATTTCCGAATAAC	147	57.4	3		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt7.2b_R		CAATTGCCAGCAATAAGTGG		56.4			
	11	Bi11_PET	(TC) ₃ T(TC) ₃	TGGGTTCACCGTCCTTTAAT	140-147	56.4	3	EU868622	Khamis <i>et al.</i> 2008
		Bi11_R		GCCCATAGACATCCAGGGTA		60.5			
	12	Bp181_FAM	(AC) ₈	AAAGGTGCATGCCTTCGTAG	112–126	62.1	4	AY847280	Shearman <i>et al.</i> 2006
		Bp181_R		TGGCTTCATCGATGAATCTGCG		62.1			
(D)	13	Bt4.6a_VIC	(GT) ₈	GCATGCATGTGACAAGGAGA	137	58.4	6		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt4.6a_R		CCATGTACAGCCGAGGTAAATG		62.1			
	14	Boms60_NED	CACAA ₂ (CA3) ₂ / A ₁₃ CA ₅ TA ₄ NA ₃ CA ₂ TA ₂ CA ₅	TGGACGCGCACATATCAG	170	56.1	6	DQ078251	Augustinos <i>et al.</i> 2008
		Boms60_R		ACGACGTTAGCGGAAATGAG		59.4			
	15	Bt5_PET	(CA) ₉	GATCACCCATCAATCGTTATA	181-187	55.5	4		Kinnear <i>et al.</i> 1998
		Bt5_R		TAAGCAGATGCCTATATGTTG		55.5			

Table S3. 465 *COI* haplotypes split into 40 populations. The number of samples belonging to each haplotype is displayed in the columns under population ID code (see Table S1).

Country		Korea				Taiwan					China			Vietnam			Laos			Myanmar	
		KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
H1 H2 H3 H4 H5 H6 H7 H8 H9 H10 H11 H12 H13 H14 H15 H16 H17 H18 H19 H20 H21 H22 H23 H24 H25 H26 H27 H28 H29 H30 H31 H32 H33 H34 H35 H36 H37 H38 H39 H40 H41 H42 H43 H44 H45 H46 H47 H48 H49 H50	8 1	10	4			6		16 1	4 1	13	22					14	21 1	20	22	19	
			1		2																1

Table S3. Continued.

Country	Thailand			Cambodia		India	Nepal		Philippines										Malaysia	
	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
H1	3	3	10	16	1	5	1	3		2	6	7	11	6	4	13	4	4	23	11
H2																				1
H3			1																	
H4																				
H5																				
H6																				1
H7																				1
H8																				
H9																				
H10																				
H11																				
H12																				
H13																				
H14																				
H15																				
H16																				
H17		1	1																	
H18									1								1		1	
H19										1						2		1	1	
H20																				
H21																				
H22																				
H23						1													1	
H24																				2
H25	1																			
H26	1																			
H27			8																	
H28							1													1
H29							1													
H30							1													
H31								1	5	2		3	9	4		1	2	2	1	
H32									18			2	4		2	5		2	4	
H33									1											
H34										1										
H35										1										
H36										1										
H37													1							
H38													1							
H39													1							
H40													1							
H41														1						
H42														2			1			
H43																1				
H44																			1	
H45																			1	
H46																				2
H47																				2
H48																				1
H49																				1
H50																				1
Number of Haplotype	3	2	4	1	1	5	1	2	4	6	1	3	7	4	2	5	4	4	8	11

Table S4. Pairwise F_{ST} divergence between 39 different geographical populations of the oriental fruit fly (*B. dorsalis*). Values are significantly different from zero at $P < 0.001$ unless indicated 'ns'. CN SHA, KH PNP, NP POK are omitted from the table because they are 'NA: non-available' due to lack of individuals.

	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VII	LA VI2	LA VI3	MM YAN
KR 001	0.000																		
KR 002	0.071	0.000																	
KR 003	0.044	0.105	0.000																
KR 004	0.201	0.271	0.124	0.000															
TW CHU	0.063	0.105	0.074	0.250	0.000														
TW JIA	0.013	0.077	0.014	0.143	0.037	0.000													
TW KAO	0.022	0.068	0.055	0.179	0.025	0.024	0.000												
TW TIC	0.041	0.076	0.051	0.200	0.050	0.021	0.017	0.000											
TW TIN	0.026	0.065	0.032	0.163	0.049	0.012	0.018	0.018	0.000										
TW TIP	0.042	0.088	0.067	0.224	0.056	0.034	0.011	0.004	0.030	0.000									
CN FJS	0.063	0.127	0.016	0.113	0.107	0.073	0.083	0.097	0.080	0.102	0.000								
CN YUN	0.130	0.182	0.086	0.210	0.179	0.133	0.136	0.153	0.126	0.158	0.080	0.000							
VN BC1	0.075	0.124	0.069	0.108	0.119	0.064	0.077	0.097	0.081	0.095	0.067	0.102	0.000						
VN BC2	0.093	0.157	0.076	0.133	0.142	0.083	0.103	0.117	0.104	0.115	0.085	0.110	0.013	0.000					
VN HCM	0.149	0.215	0.150	0.187	0.214	0.154	0.169	0.173	0.172	0.182	0.135	0.211	0.129	0.135	0.000				
LA VII	0.054	0.128	0.038	0.156	0.105	0.059	0.087	0.082	0.086	0.081	0.052	0.106	0.100	0.117	0.159	0.000			
LA VI2	0.051	0.151	0.047	0.196	0.116	0.074	0.099	0.105	0.094	0.097	0.066	0.125	0.114	0.121	0.141	0.008	0.000		
LA VI3	0.044	0.121	0.039	0.156	0.099	0.058	0.081	0.088	0.078	0.083	0.057	0.123	0.106	0.120	0.140	0.007	0.006	0.000	
MM YAN	0.090	0.154	0.078	0.192	0.146	0.104	0.129	0.128	0.115	0.143	0.093	0.149	0.121	0.132	0.059	0.112	0.102	0.106	0.000
TH BAN	0.028	0.100	0.086	0.258	0.104	0.037	0.058	0.052	0.054	0.054	0.132	0.211	0.099	0.125	0.167	0.118	0.120	0.107	0.127
TH CHA	0.056	0.121	0.100	0.296	0.143	0.059	0.094	0.055	0.083	0.068	0.137	0.214	0.121	0.132	0.180	0.113	0.124	0.105	0.122
TH DA1	0.019	0.068	0.061	0.191	0.074	0.039	0.036	0.021	0.027	0.023	0.092	0.142	0.093	0.110	0.161	0.067	0.075	0.063	0.123
TH DA2	0.039	0.105	0.084	0.213	0.114	0.057	0.073	0.050	0.067	0.051	0.112	0.169	0.099	0.117	0.160	0.095	0.094	0.098	0.117
IN DEL	0.092	0.158	0.074	0.178	0.149	0.084	0.130	0.124	0.112	0.133	0.088	0.160	0.106	0.122	0.067	0.118	0.109	0.120	0.000
PH BUS	0.093	0.153	0.069	0.238	0.178	0.096	0.140	0.127	0.101	0.153	0.086	0.150	0.104	0.116	0.063	0.118	0.113	0.116	0.027
PH GUG	0.132	0.213	0.140	0.271	0.197	0.165	0.160	0.165	0.146	0.175	0.145	0.213	0.158	0.184	0.160	0.178	0.165	0.158	0.110
PH GUZ	0.051	0.112	0.057	0.159	0.110	0.071	0.088	0.089	0.084	0.092	0.072	0.143	0.084	0.102	0.068	0.079	0.077	0.082	0.027
PH LU1	0.125	0.221	0.161	0.332	0.220	0.140	0.176	0.170	0.142	0.183	0.154	0.228	0.150	0.158	0.098	0.191	0.169	0.176	0.069
PH LU2	0.067	0.137	0.081	0.219	0.137	0.086	0.106	0.112	0.092	0.117	0.099	0.159	0.111	0.130	0.080	0.136	0.129	0.127	0.039
PH LU3	0.034	0.113	0.059	0.181	0.089	0.055	0.064	0.071	0.062	0.070	0.084	0.127	0.082	0.108	0.103	0.091	0.089	0.091	0.066
PH MIN	0.032	0.126	0.072	0.174	0.102	0.056	0.077	0.089	0.079	0.081	0.081	0.156	0.081	0.100	0.089	0.089	0.087	0.088	0.066
PH PA1	0.059	0.165	0.054	0.227	0.141	0.078	0.106	0.113	0.093	0.127	0.088	0.169	0.121	0.136	0.099	0.116	0.102	0.100	0.012
PH PA2	0.095	0.193	0.114	0.257	0.183	0.132	0.151	0.156	0.136	0.169	0.130	0.195	0.163	0.179	0.116	0.157	0.144	0.142	0.042
PH PA3	0.055	0.152	0.087	0.221	0.158	0.091	0.110	0.115	0.097	0.124	0.088	0.159	0.094	0.124	0.072	0.128	0.118	0.120	0.017
PH PA4	0.069	0.153	0.072	0.209	0.142	0.093	0.108	0.113	0.099	0.120	0.094	0.173	0.107	0.123	0.058	0.116	0.106	0.104	0.030
PH PA5	0.079	0.155	0.085	0.233	0.145	0.104	0.125	0.129	0.114	0.135	0.104	0.157	0.134	0.148	0.103	0.113	0.106	0.112	0.039
MY PEN	0.052	0.152	0.049	0.196	0.134	0.079	0.110	0.107	0.100	0.103	0.073	0.144	0.125	0.135	0.151	0.020	0.014	0.018	0.110

Table S4. Continued.

	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	IN DEL	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
KR 001																		
KR 002																		
KR 003																		
KR 004																		
TW CHU																		
TW JIA																		
TW KAO																		
TW TIC																		
TW TIN																		
TW TIP																		
CN FJS																		
CN YUN																		
VN BC1																		
VN BC2																		
VN HCM																		
LA VII																		
LA VI2																		
LA VI3																		
MM YAN																		
TH BAN	0.000																	
TH CHA	0.025	0.000																
TH DA1	0.044	0.049	0.000															
TH DA2	0.034	0.043	0.032	0.000														
IN DEL	0.109	0.107	0.123	0.111	0.000													
PH BUS	0.126	0.135	0.120	0.112	0.042	0.000												
PH GUG	0.161	0.174	0.162	0.161	0.114	0.124	0.000											
PH GUZ	0.070	0.080	0.076	0.079	0.029	-0.005	0.095	0.000										
PH LU1	0.137	0.175	0.165	0.139	0.076	0.031	0.132	0.048	0.000									
PH LU2	0.082	0.101	0.104	0.104	0.037	-0.011	0.068	0.004	0.014	0.000								
PH LU3	0.061	0.077	0.067	0.069	0.068	0.029	0.067	0.018	0.048	0.014	0.000							
PH MIN	0.047	0.086	0.073	0.068	0.065	0.043	0.103	-0.015	0.038	0.009	0.015	0.000						
PH PA1	0.090	0.110	0.113	0.101	0.038	0.011	0.054	0.004	0.039	-0.011	0.015	0.022	0.000					
PH PA2	0.138	0.155	0.151	0.147	0.060	0.049	0.046	0.047	0.058	0.016	0.054	0.063	-0.021	0.000				
PH PA3	0.098	0.119	0.104	0.087	0.020	0.018	0.090	-0.006	0.031	-0.011	0.025	0.006	-0.015	0.012	0.000			
PH PA4	0.081	0.109	0.106	0.097	0.038	-0.009	0.040	-0.005	0.037	-0.018	0.020	0.015	-0.017	0.005	0.004	0.000		
PH PA5	0.116	0.138	0.126	0.120	0.055	0.006	0.079	0.018	0.047	0.014	0.036	0.038	-0.010	0.010	0.018	0.001	0.000	
MY PEN	0.105	0.108	0.080	0.100	0.122	0.125	0.172	0.083	0.164	0.134	0.095	0.080	0.106	0.146	0.120	0.115	0.117	0.000

Table S5. Table output of the Evanno et al. [83] method results. The largest value in the *Delta K* column is shown on raw *K*=2.

<i>K</i>	Reps	Mean LnP(<i>K</i>)	Stdev LnP(<i>K</i>)	Ln'(<i>K</i>)	Ln'(<i>K</i>)	<i>Delta K</i>
1	5	-35633.72	0.545	NA	NA	NA
2	5	-33452.74	2.5393	2180.98	805.78	317.324767
3	5	-32077.54	3.5865	1375.2	669.7	186.727879
4	5	-31372.04	118.5149	705.5	56.52	0.476902
5	5	-30723.06	203.1494	648.98	214.3	1.054889
6	5	-30288.38	5.2184	434.68	163.02	31.239287
7	5	-30016.72	42.8066	271.66	18.1	0.422832
8	5	-29726.96	59.0658	289.76	150.34	2.545297
9	5	-29587.54	46.3758	139.42	89.82	1.936785
10	5	-29537.94	392.4457	49.6	259.26	0.660626
11	5	-29229.08	118.0976	308.86	203.76	1.725353
12	5	-29123.98	209.3351	105.1	265.18	1.266773
13	5	-29284.06	611.9755	-160.08	461.66	0.754377
14	5	-28982.48	113.2591	301.58	134.98	1.191781
15	5	-28815.88	113.5653	166.6	NA	NA

Table S6. Mean assignment rate of *B. dorsalis* individuals into (rows) and from (columns) each population using GeneClass 2 [86]. Values in bold indicate the proportions of individuals assigned to the source population. Zero values were excluded from the table.

	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VII	LA VI2	LA VI3	MM YAN
KR 001	0.815	0.001	0.140		0.005	0.301	0.325	0.210	0.342	0.108	0.004			0.015	0.026	0.002	0.013	0.026	0.050	0.020
KR 002	0.049	0.860	0.050		0.001	0.153	0.150	0.134	0.139	0.034				0.008	0.002			0.001	0.010	0.001
KR 003	0.003		0.851			0.074	0.021	0.024	0.061	0.011	0.033		0.001	0.011	0.017	0.001	0.124	0.089	0.122	0.052
KR 004	0.005		0.217	1.000		0.043	0.001	0.002	0.019		0.239		0.001	0.048	0.026	0.014	0.048	0.008	0.034	0.011
TW CHU	0.078		0.160		0.785	0.321	0.437	0.220	0.247	0.133	0.001			0.007	0.005		0.001	0.004	0.018	0.003
TW JIA	0.015		0.053		0.002	0.789	0.026	0.086	0.086	0.038				0.001	0.002			0.001	0.006	
TW KAO	0.068	0.003	0.074		0.018	0.185	0.698	0.280	0.221	0.129	0.002			0.006	0.009	0.001	0.001	0.002	0.012	0.002
TW TIC	0.037		0.040		0.003	0.158	0.163	0.672	0.206	0.174				0.001	0.002	0.001		0.002	0.007	0.001
TW TIN	0.043	0.001	0.090		0.007	0.185	0.241	0.266	0.663	0.154				0.007	0.010		0.001	0.004	0.014	0.002
TW TIP	0.038		0.061		0.007	0.203	0.252	0.420	0.209	0.739				0.001	0.003		0.001	0.003	0.012	0.001
CN FJS	0.033		0.241		0.001	0.071	0.039	0.022	0.056	0.011	0.576	0.027	0.010	0.043	0.037	0.011	0.062	0.066	0.063	0.051
CN SHA			0.006			0.004		0.002				1.000		0.001	0.001	0.005			0.001	0.007
CN YUN	0.001		0.197			0.075	0.006	0.010	0.024	0.007	0.012		0.620	0.107	0.122	0.002	0.009	0.019	0.023	0.012
VN BC1	0.005		0.074			0.076	0.008	0.010	0.019	0.004	0.005	0.079	0.003	0.616	0.129	0.003	0.001	0.007	0.009	0.005
VN BC2	0.007		0.143		0.001	0.095	0.009	0.011	0.019	0.006	0.008	0.177	0.010	0.239	0.617	0.006	0.002	0.012	0.010	0.007
VN HCM	0.001		0.025			0.013		0.001	0.001			0.057		0.007	0.002	0.649		0.005	0.009	0.129
LA VII	0.045		0.255		0.005	0.144	0.035	0.068	0.101	0.045	0.052	0.001	0.003	0.022	0.024	0.007	0.615	0.189	0.231	0.033
LA VI2	0.074		0.253		0.001	0.151	0.037	0.044	0.087	0.041	0.062		0.002	0.011	0.031	0.025	0.276	0.604	0.318	0.045
LA VI3	0.027		0.215		0.001	0.136	0.024	0.037	0.075	0.033	0.043	0.001	0.004	0.012	0.016	0.012	0.226	0.230	0.604	0.039
MM YAN	0.002		0.079			0.023	0.001	0.002	0.012		0.005	0.034		0.004	0.005	0.032	0.010	0.013	0.021	0.609
TH BAN	0.054		0.020			0.084	0.021	0.064	0.119	0.045				0.001	0.001			0.001	0.008	0.001
TH CHA	0.003		0.008			0.054	0.003	0.049	0.037	0.016									0.006	
TH DA1	0.134	0.003	0.073		0.004	0.145	0.124	0.286	0.299	0.230	0.002	0.022	0.001	0.013	0.007	0.002	0.029	0.024	0.038	0.004
TH DA2	0.070		0.027			0.094	0.053	0.160	0.087	0.096				0.009	0.005			0.004	0.007	0.001
KH PNP			0.201			0.005			0.010		0.001		0.001	0.006	0.007	0.038	0.001	0.004	0.020	0.860
IN DEL	0.001		0.066			0.030		0.002	0.004	0.001		0.031		0.014	0.007	0.028		0.004	0.011	0.201
NP POK			0.041			0.018			0.001			0.016				0.012			0.004	0.050
PH BUS	0.001		0.158			0.024	0.002	0.003	0.046	0.002	0.002			0.004	0.004	0.058	0.001	0.003	0.007	0.282
PH GUG	0.006		0.054			0.015	0.005	0.004	0.014	0.001				0.003	0.002	0.005		0.002	0.011	0.055
PH GUZ	0.048		0.066			0.036	0.021	0.016	0.053	0.006	0.002			0.005	0.006	0.038	0.001	0.008	0.013	0.238
PH LU1	0.004		0.115			0.050	0.024	0.028	0.077	0.019	0.003			0.003	0.006	0.177		0.008	0.013	0.351
PH LU2	0.001		0.047			0.022	0.003	0.002	0.017	0.001	0.002			0.002	0.005	0.013		0.003	0.007	0.126
PH LU3	0.040		0.059		0.002	0.066	0.062	0.057	0.101	0.025	0.001			0.003	0.002	0.017	0.001	0.005	0.011	0.083
PH MIN	0.033		0.081			0.072	0.013	0.015	0.041	0.006	0.004	0.001		0.008	0.006	0.018	0.005	0.018	0.018	0.156
PH PA1	0.004		0.085			0.026		0.001	0.012	0.001	0.001			0.003	0.009	0.015	0.001	0.007	0.012	0.309
PH PA2	0.003		0.086			0.019	0.001	0.001	0.011		0.001			0.002	0.002	0.014	0.001	0.005	0.015	0.176
PH PA3	0.038		0.086		0.001	0.045	0.080	0.028	0.074	0.027				0.021	0.006	0.027	0.002	0.007	0.013	0.209
PH PA4	0.001		0.070			0.010	0.001	0.001	0.007		0.003			0.003	0.002	0.067	0.001	0.004	0.014	0.219
PH PA5	0.009		0.127			0.045	0.004	0.006	0.027	0.003	0.004			0.005	0.006	0.024	0.011	0.019	0.023	0.249
MY PEN	0.050		0.292			0.130	0.024	0.023	0.077	0.021	0.078		0.002	0.011	0.019	0.020	0.320	0.318	0.312	0.047

Table S6. Continued.

	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
KR 001	0.049	0.043	0.294	0.088		0.009		0.017	0.016	0.119	0.010	0.033	0.208	0.046	0.075	0.003	0.044	0.046	0.003	0.004
KR 002	0.040	0.032	0.150	0.005				0.007	0.001	0.037	0.001	0.004	0.026	0.001	0.005		0.002	0.003		
KR 003	0.002	0.003	0.007	0.001	0.025	0.015		0.020	0.019	0.058	0.003	0.037	0.112	0.057	0.118	0.087	0.018	0.068	0.029	0.075
KR 004			0.004		0.015	0.038		0.042	0.005	0.097	0.002		0.013	0.015	0.006		0.009	0.016		
TW TEP	0.015	0.012	0.047	0.003		0.005		0.006	0.006	0.041	0.003	0.008	0.134	0.006	0.023		0.004	0.005		
TW JIA	0.004	0.007	0.030	0.013				0.004		0.007	0.002	0.001	0.026	0.002	0.007			0.001		
TW KAO	0.018	0.017	0.098	0.004		0.001		0.007	0.007	0.033	0.002	0.011	0.091	0.006	0.021		0.008	0.006		
TW TIC	0.019	0.009	0.112	0.022				0.003	0.001	0.009	0.002	0.002	0.035	0.001	0.007		0.003	0.001		
TW TIN	0.011	0.013	0.121	0.009		0.002		0.006	0.006	0.014	0.005	0.007	0.058	0.002	0.012		0.002	0.004		0.001
TW TIP	0.021	0.025	0.156	0.029		0.001		0.001	0.003	0.012	0.001	0.004	0.048	0.001	0.010		0.001	0.002		
CN FJS	0.002	0.006	0.015	0.002	0.072	0.044	0.048	0.042	0.028	0.099	0.009	0.018	0.119	0.045	0.066	0.020	0.026	0.060	0.024	0.022
CN SHA		0.001				0.022				0.002	0.003		0.004		0.002		0.002			
CN YUN		0.002	0.002		0.056	0.016		0.018	0.010	0.059	0.003	0.007	0.042	0.005	0.016	0.001	0.016	0.014	0.001	0.002
VN BC1	0.004	0.006	0.004	0.001	0.020	0.007	0.002	0.018	0.005	0.023	0.002	0.005	0.019	0.003	0.016		0.015	0.011		
VN BC2	0.004	0.005	0.005	0.004	0.054	0.013	0.019	0.017	0.004	0.042	0.008	0.013	0.019	0.026	0.027		0.007	0.017		0.001
VN HCM	0.001	0.002	0.001		0.087	0.072	0.002	0.089	0.004	0.104	0.019	0.037	0.044	0.027	0.034	0.010	0.039	0.120	0.005	
LA VII	0.009	0.028	0.047	0.010	0.065	0.030	0.001	0.022	0.010	0.129	0.006	0.018	0.121	0.057	0.071	0.006	0.029	0.063	0.007	0.073
LA VI2	0.012	0.033	0.061	0.013	0.118	0.046	0.001	0.039	0.020	0.163	0.011	0.030	0.178	0.080	0.109	0.020	0.039	0.109	0.020	0.173
LA VI3	0.013	0.029	0.029	0.002	0.107	0.019		0.021	0.010	0.086	0.005	0.011	0.063	0.030	0.058	0.006	0.012	0.051	0.003	0.120
MM YAN	0.001	0.005	0.001		0.385	0.164	0.053	0.043	0.030	0.141	0.021	0.084	0.097	0.037	0.116	0.029	0.046	0.120	0.028	0.004
TH BAN	0.849	0.128	0.063	0.045		0.001		0.001	0.001	0.020	0.001	0.018	0.016	0.004	0.014		0.001	0.002		
TH CHA	0.019	0.896	0.008	0.002						0.005	0.001	0.003	0.010	0.001	0.001					
TH DA1	0.027	0.044	0.693	0.066	0.047	0.003		0.019	0.008	0.046	0.003	0.010	0.098	0.011	0.021		0.013	0.019		0.008
TH DA2	0.032	0.032	0.100	0.687	0.001	0.001		0.008	0.006	0.018	0.004	0.009	0.070	0.007	0.022		0.007	0.006		0.001
KH PNP		0.002			1.000	0.634	0.503	0.031	0.019	0.347	0.008	0.030	0.030	0.094	0.084	0.050	0.032	0.115	0.071	0.007
IN DEL	0.003	0.004			0.500	0.739	0.156	0.016	0.024	0.085	0.007	0.034	0.028	0.030	0.047	0.008	0.045	0.082	0.010	
NP POK					0.890	0.173	1.000	0.100	0.022	0.079	0.035	0.033	0.076	0.012	0.061	0.002	0.009	0.083	0.002	
PH BUS	0.001	0.001	0.001	0.003	0.089	0.072	0.252	0.829	0.088	0.305	0.157	0.470	0.394	0.116	0.306	0.241	0.207	0.376	0.425	
PH GUG	0.003	0.003	0.006		0.028	0.034	0.064	0.049	0.630	0.077	0.017	0.112	0.242	0.045	0.187	0.217	0.076	0.173	0.072	
PH GUZ	0.003	0.007	0.012	0.003	0.350	0.084	0.204	0.115	0.035	0.777	0.086	0.199	0.262	0.184	0.193	0.118	0.130	0.231	0.162	0.002
PH LU1	0.007	0.012	0.011	0.001	0.270	0.178	0.527	0.216	0.104	0.305	0.754	0.628	0.505	0.369	0.345	0.198	0.197	0.409	0.165	0.001
PH LU2	0.007	0.020	0.001		0.107	0.042	0.170	0.169	0.095	0.225	0.080	0.706	0.272	0.156	0.246	0.178	0.172	0.255	0.145	
PH LU3	0.007	0.013	0.036	0.007	0.034	0.025	0.055	0.075	0.038	0.182	0.055	0.202	0.609	0.107	0.144	0.105	0.079	0.126	0.078	0.001
PH MIN	0.012	0.030	0.012	0.012	0.086	0.052	0.077	0.067	0.039	0.309	0.042	0.252	0.318	0.710	0.214	0.161	0.170	0.224	0.154	0.006
PH PA1	0.003	0.004	0.001		0.132	0.078	0.135	0.073	0.154	0.226	0.075	0.251	0.322	0.188	0.818	0.249	0.173	0.277	0.184	0.002
PH PA2	0.001	0.002	0.001		0.219	0.055	0.030	0.088	0.257	0.223	0.042	0.248	0.287	0.095	0.330	0.590	0.146	0.282	0.221	0.001
PH PA3	0.004	0.005	0.033	0.003	0.205	0.099	0.101	0.100	0.059	0.264	0.073	0.315	0.304	0.210	0.248	0.137	0.788	0.252	0.158	0.001
PH PA4	0.001	0.003			0.128	0.074		0.137	0.219	0.318	0.055	0.300	0.320	0.125	0.282	0.200	0.097	0.736	0.210	0.001
PH PA5	0.003	0.003	0.002	0.001	0.173	0.107	0.148	0.161	0.194	0.345	0.064	0.318	0.395	0.202	0.394	0.348	0.156	0.393	0.533	0.005
MY PEN	0.033	0.041	0.040	0.012	0.235	0.023	0.049	0.039	0.028	0.165	0.014	0.036	0.150	0.114	0.143	0.028	0.031	0.120	0.034	0.590

Table S7. Allelic frequencies based on the polymorphisms of 15 microsatellite markers at each study site.

Study sites																					
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bp200	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25
	94	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	98	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0
	100	0	0	0.1	0	0.42857	0	0.075	0.075	0	0.06667	0.10417	0	0	0	0	0	0.02083	0.02083	0	0
	101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16667	0.07692	0	0	0	0
	102	0.05556	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0.03333	0.08333	0	0.04167	0	0.03846	0.05556	0.02083	0.08333	0.0625	0.08
	103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0.02778	0	0	0
	104	0.44444	0.4	0.3	1	0.21429	0.5625	0.6	0.35	0.45	0.56667	0.3125	0	0.33333	0.58333	0.61538	0.52778	0.33333	0.1875	0.3125	0.16
	106	0.5	0.5	0.6	0	0.35714	0.4375	0.275	0.375	0.45	0.26667	0.45833	0	0.58333	0.11111	0.15385	0.13889	0.625	0.70833	0.54167	0.66
	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0.08333	0	0	0	0	0
	108	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.025	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0.0625	0.04
	109	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	110	0	0	0	0	0	0	0.025	0.1	0	0	0.04167	0	0	0	0.07692	0	0	0	0.02083	0.02
	118	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0.02
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.03333	0	0.5	0	0	0	0.25	0	0	0
128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bi4	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25
	111	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0
	112	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	115	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	120	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.025	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	122	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	123	0	0	0	0	0	0.125	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	124	0	0	0.2	0	0	0	0	0.025	0	0.06667	0.20833	0	0.08333	0	0	0	0.10417	0	0.125	0.04
	125	0.22222	0.5	0.1	0	0.28571	0.125	0.225	0.05	0.175	0.03333	0	0	0.04167	0	0.03846	0	0	0	0	0.14
	126	0.61111	0.5	0.5	1	0.64286	0.4375	0.675	0.375	0.55	0.66667	0.60417	1	0.75	0.97222	0.80769	1	0.64583	0.85417	0.6875	0.72
	127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.02083	0	0
	128	0.16667	0	0.2	0	0.07143	0.125	0.1	0.25	0.225	0.2	0.1875	0	0.125	0.02778	0.07692	0	0.20833	0.125	0.1875	0.1
	129	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	130	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
139	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

Study sites																						
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA V11	LA VI2	LA VI3	MM YAN	
Bt5.8a	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25	
	101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
	107	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	109	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0	
	111	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02	
	112	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	
	113	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	115	0.05556	0	0	0	0	0.07143	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.10417	0.08333	0.08333	0
	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.02778	0.03846	0	0	0	0	
	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	
	119	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	
	121	0.27778	0.25	0	0	0	0	0.0625	0.275	0.175	0	0.33333	0	0	0.10417	0.05556	0.11538	0	0	0	0	
	122	0	0	0.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1875	0	0	0	0	0	0.125	0.1875	0.1875	0.1
	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.04167	0
	125	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	
	127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	128	0.44444	0.7	0.4	1	0.85714	0.5625	0.575	0.4	0.65	0.46667	0.75	0.5	0.77083	0.80556	0.69231	0.41667	0.64583	0.5625	0.58333	0.36	
	130	0.22222	0	0.2	0	0.07143	0.1875	0.075	0.05	0.125	0.13333	0.04167	0	0.0625	0	0.07692	0.02778	0.10417	0.04167	0.08333	0.02	
	132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.02
	133	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0.05	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	138	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.05	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	139	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0.05	0.05	0	0.02083	0	0	0	0	0.02778	0.02083	0.02083	0.02083	0
	144	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	150	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0
	151	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0.44444	0	0	0	0.48
	157	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
160	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bt4	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25
	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13889	0	0	0	0	0	0
	103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.02
	104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	107	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	113	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	115	0	0	0.1	0	0	0	0	0.05	0.05	0.03333	0.04167	0	0.02083	0	0	0	0	0.0625	0.02083	0.02
	116	0.05556	0.2	0	0	0	0.0625	0.025	0	0	0	0	0	0.04167	0.05556	0	0	0	0	0	0
	117	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	118	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.075	0	0	0	0	0.02778	0	0.05556	0.04167	0.0625	0	0.12
	119	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	120	0	0	0.1	0	0	0.0625	0.075	0	0.05	0.03333	0.04167	0	0.0625	0	0	0.02778	0.04167	0	0.02083	0.04
	121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0
	122	0.16667	0.1	0.1	0.5	0.28571	0.125	0.1	0.125	0.05	0	0.0625	0.5	0.02083	0.11111	0.19231	0.13889	0.10417	0.0625	0.08333	0.04
	124	0.22222	0	0.2	0	0.5	0.1875	0.325	0.25	0.325	0.23333	0.16667	0	0.33333	0.11111	0.23077	0.44444	0.41667	0.5	0.54167	0.34
	126	0.22222	0.05	0.2	0	0.21429	0.1875	0.125	0.125	0.125	0.3	0.22917	0	0.27083	0.25	0.23077	0.19444	0.10417	0.20833	0.22917	0.3
	128	0.05556	0	0	0.5	0	0	0.125	0.175	0.075	0.13333	0.29167	0	0.10417	0.05556	0	0.11111	0.125	0.04167	0	0.02
	130	0.11111	0.15	0.1	0	0	0.125	0.075	0.025	0.1	0.06667	0.0625	0	0.02083	0.08333	0.03846	0	0.08333	0.04167	0.02083	0.04
	132	0.16667	0.5	0.2	0	0	0.0625	0.075	0.15	0.1	0	0.10417	0.5	0.08333	0.05556	0.15385	0	0.0625	0.02083	0.04167	0.04
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0
	134	0	0	0	0	0	0.125	0.025	0.025	0.025	0.03333	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0.02
	135	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	139	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0	0.03333	0	0	0.02083	0	0.03846	0	0	0	0	0
	140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0
	141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0
	148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus Bi8	Allele/n N	KR 001 8	KR 002 10	KR 003 5	KR 004 2	TW CHU 7	TW JIA 8	TW KAO 20	TW TIC 20	TW TIN 20	TW TIP 15	CN FJS 24	CN SHA 1	CN YUN 24	VN BC1 18	VN BC2 13	VN HCM 18	LA VI1 24	LA VI2 24	LA VI3 24	MM YAN 25
	99	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0
	110	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	113	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	117	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	120	0.0625	0.05	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.16667	0.04167	0.10417	0	0.04
	121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	123	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	124	0	0	0	0	0.07143	0	0.025	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	127	0	0	0	0	0.14286	0.125	0.075	0.075	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	129	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	130	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	131	0	0.2	0.1	0	0.07143	0	0.025	0.05	0.075	0.06667	0.125	0	0	0	0	0.08333	0.10417	0.02083	0.125	0.06
	132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.25	0	0.03846	0	0	0	0	0
	133	0	0	0	0	0.07143	0.0625	0.05	0.05	0.05	0.06667	0.08333	0	0.0625	0.11111	0	0.05556	0.08333	0.08333	0.125	0.18
	135	0.375	0.05	0.3	0	0.07143	0.125	0.1	0.125	0.175	0.13333	0.33333	0	0.02083	0	0.03846	0.47222	0.20833	0.52083	0.35417	0.38
	136	0	0	0	0	0	0.0625	0.1	0.025	0.05	0.1	0	0	0.4375	0.25	0.61538	0	0	0	0	0
	137	0.125	0.25	0	0	0	0	0.05	0.025	0.025	0.03333	0.04167	1	0	0.13889	0	0	0.08333	0	0	0.08
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.02778	0	0	0	0	0	0
	139	0.1875	0.15	0.5	1	0.35714	0.3125	0.325	0.375	0.225	0.36667	0.375	0	0.14583	0.44444	0.30769	0.16667	0.47917	0.25	0.33333	0.26
	140	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0.025	0.03333	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	141	0	0.1	0	0	0.07143	0.0625	0.1	0.1	0.025	0.03333	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0
	143	0.0625	0.05	0.1	0	0.07143	0.0625	0.025	0	0.025	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	144	0	0	0	0	0	0	0.05	0.05	0.05	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	145	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	147	0.0625	0	0	0	0.07143	0.0625	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	149	0	0	0	0	0	0	0.05	0.05	0.05	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

Study sites																						
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN	
Bt6.8a	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25	
	103	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	
	109	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	111	0	0	0.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04	
	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	
	119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	135	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	
	137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	
	140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.04167	0.10417	0.02
	141	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	
	144	0.11111	0.15	0	0.5	0.28571	0.125	0.125	0.225	0.225	0.06667	0.25	0	0.41667	0.16667	0.03846	0	0.22917	0.10417	0.10417	0.22	
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0.02	
	147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	150	0.27778	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0.19444	0.03846	0	0	0.02083	0	0
	151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0.03846	0.13889	0.02083	0.08333	0.04167	0
	153	0.11111	0.65	0	0	0.28571	0.0625	0.15	0.025	0.075	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0
	154	0	0	0.1	0	0	0.0625	0	0.025	0.03333	0.04167	0.03333	0.04167	0.20833	0.22222	0.15385	0.36111	0.16667	0.1875	0.1875	0.18	
	156	0	0	0.1	0	0	0	0	0.025	0.075	0.025	0.03333	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	157	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0.02083	0.02778	0.03846	0	0.04167	0	0	0
	159	0.38889	0	0.2	0.5	0	0.125	0.125	0.1	0.125	0.13333	0.1875	0.5	0.20833	0.25	0.5	0.44444	0.33333	0.45833	0.29167	0.36	
	161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02	0
	162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	168	0.11111	0.2	0.1	0	0.42857	0.25	0.575	0.55	0.4	0.56667	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0
	169	0	0	0.2	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0.39583	0	0.10417	0.05556	0.11538	0	0.08333	0.04167	0.02083	0.02
	171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	174	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.06667	0	0	0.04167	0	0	0	0.02083	0.02083	0.02083	0
	175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	
184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0.02083	0	
186	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.02083	0	0	
190	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Boms3a	N	8	6	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25
	102	0	0.08333	0	0	0	0	0.05	0.05	0.025	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	106	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	110	0	0	0	0	0	0.125	0.025	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	115	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	117	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	133	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	134	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	135	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0.03333	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0
	136	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0.025	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	139	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0.11111	0.03846	0.05556	0	0	0.04167	0.02
	140	0	0	0	0	0	0	0.05	0.025	0.05	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	142	0	0	0	0	0.14286	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	144	0	0	0	0	0.14286	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	147	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	150	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11111	0	0	0	0	0	0
	152	0	0	0	0	0.14286	0.125	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	154	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	160	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.02
	167	0	0.08333	0	0	0	0	0.025	0.025	0.025	0.03333	0.04167	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.04167	0
	170	0	0	0	0	0.07143	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	172	0	0.08333	0	0	0	0	0.025	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0
	176	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	0
	185	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0
	186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0
	189	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0.02778	0	0.02778	0.02083	0	0.04167	0.08
	191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.02083	0
	192	0	0	0	0.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	193	0	0	0	0.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.02083	0
	194	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0
	197	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	198	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0.02083	0	0	0.02
	202	0	0	0	0	0.07143	0	0	0.025	0.1	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	203	0	0	0.2	0	0	0	0	0	0.025	0	0.125	0	0.02083	0.02778	0.07692	0.05556	0.04167	0.10417	0.0625	0.16
	204	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	205	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.07692	0	0.0625	0	0.04167	0
	206	0.0625	0	0	0	0.07143	0	0.025	0.025	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	207	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0	0	0	0	0	0
	208	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0.05	0.03333	0.02083	0.5	0.02083	0	0	0	0.08333	0.02083	0.02083	0
	209	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0.02083	0
	210	0.1875	0.08333	0.1	0.5	0.07143	0.1875	0.025	0.025	0.1	0.03333	0.04167	0	0.08333	0.22222	0.19231	0	0.10417	0	0.04167	0.04
	212	0.25	0.25	0.3	0	0.14286	0.25	0.3	0.325	0.3	0.39583	0	0.4375	0.30556	0.26923	0.19444	0.375	0.375	0.22917	0.26	0.26
	214	0.25	0.25	0.1	0	0	0	0.125	0.125	0.05	0.06667	0.08333	0	0.14583	0.02778	0.19231	0.30556	0.08333	0.16667	0.20833	0.24
	215	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	216	0.1875	0.08333	0	0	0.14286	0	0.075	0.125	0.025	0.03333	0.125	0	0.08333	0	0	0.30556	0.0625	0.10417	0.04167	0.08
	217	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11111	0.03846	0	0	0	0	0
	218	0	0.08333	0	0	0	0	0.05	0.025	0.05	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	219	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.04
	220	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.0625	0	0.07692	0.02778	0.02083	0.04167	0	0
	221	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	222	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	224	0	0	0.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	225	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bt7	N	9	9	5	2	7	8	20	20	20	15	24	0	24	18	13	18	24	24	24	23
	101	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	107	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.08333	0	0	0	0	0	0	0
	115	0.22222	0.27778	0	0	0	0	0.125	0	0.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	117	0.11111	0.05556	0.1	0	0.07143	0.0625	0.05	0	0.05	0.03333	0	0	0.02083	0.05556	0.03846	0	0	0	0	0
	118	0	0	0.3	0	0.07143	0.125	0.025	0.1	0.125	0	0.02083	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0
	119	0.16667	0	0	0	0	0	0.075	0.05	0.025	0.1	0.04167	0	0.70833	0	0	0	0.08333	0.02083	0.02083	0.08696
	120	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0.02083	0.05556	0	0.08333	0	0.04167	0.04348	0
	121	0.05556	0.05556	0	0	0.14286	0.125	0.15	0	0.125	0.13333	0.125	0	0.04167	0	0	0	0.04167	0.02083	0	0
	122	0	0	0.1	0.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	123	0.05556	0.05556	0.2	0.5	0.07143	0.1875	0	0	0.1	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	125	0	0.11111	0	0	0	0.125	0	0.05	0.025	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	127	0	0.05556	0	0	0	0.1875	0.075	0.1	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0.125	0.02083	0.04167	0.08696
	128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.04167	0
	129	0.05556	0.05556	0.1	0	0.21429	0.125	0.125	0.025	0.05	0.06667	0.16667	0	0	0.05556	0.07692	0.11111	0.14583	0.3125	0.35417	0.23913
	130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0.03846	0	0.02083	0.04167	0.04167	0
	131	0.11111	0.11111	0	0	0.28571	0	0.175	0.35	0.025	0.33333	0.20833	0	0	0.30556	0.38462	0.30556	0.35417	0.1875	0.1875	0.13043
	133	0.22222	0.22222	0	0	0.07143	0.0625	0.05	0.2	0.1	0.26667	0.14583	0	0	0.30556	0.38462	0.33333	0.14583	0.22917	0.20833	0.32609
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	135	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0
	136	0	0	0	0	0.07143	0	0	0.075	0.05	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0.02083	0	0
	138	0	0	0	0	0	0	0.075	0.05	0.025	0	0	0	0	0.11111	0	0	0	0.08333	0.04167	0
	140	0	0	0.1	0.25	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07692	0	0	0	0	0
	142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0.02778	0	0	0	0
	143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.02083	0
	144	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0	0	0.08696
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bt9.1a	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	12	18	24	24	24	25
	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	115	0	0	0	0	0	0.0625	0.05	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	117	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.19444	0.04167	0.05556	0	0	0	0
	119	0	0	0	0	0	0	0.025	0.025	0.075	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.02
	120	0	0	0.3	0.5	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0.02083	0	0	0.08333	0.0625	0	0.04167	0.04
	121	0	0	0	0	0	0	0.125	0.025	0.1	0.03333	0	0	0.02083	0.02778	0	0	0	0.02083	0	0
	122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	123	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0.02778	0	0.02083	0	0
	125	0	0.05	0	0	0	0.1875	0.025	0.05	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	127	0	0	0	0	0	0.1875	0.075	0.1	0	0.03333	0	0	0.10417	0.08333	0	0	0	0	0	0
	128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0.02778	0.04167	0.04167	0.04167	0.08
	129	0.33333	0	0.2	0	0.35714	0.125	0.25	0.075	0.05	0.23333	0.375	1	0.22917	0.08333	0.25	0.11111	0.25	0.3125	0.3125	0.18
	130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0.04167	0	0	0.02083	0.02083	0
	131	0.11111	0.65	0.3	0.5	0.42857	0	0.25	0.3	0.15	0.43333	0.22917	0	0.27083	0.11111	0.20833	0.41667	0.33333	0.22917	0.27083	0.32
	133	0.5	0.3	0.1	0	0.14286	0.125	0.1	0.15	0.225	0.2	0.25	0	0.22917	0.22222	0.20833	0.27778	0.25	0.22917	0.20833	0.36
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0
	135	0	0	0	0	0.07143	0	0	0.1	0.075	0.03333	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0.08333	0	0	0	0	0
	137	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0.03333	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0.04167	0

138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0.16667	0	0	0.04167	0.02083	0
139	0	0	0	0	0	0.0625	0.075	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0
140	0	0	0.1	0	0	0	0.025	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
142	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
144	0	0	0	0	0	0.25	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
146	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
151	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bt7.2b	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25
	102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0.11538	0	0	0	0	0
	105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0
	109	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	123	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	131	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	135	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	139	0	0	0	0	0	0.125	0	0.075	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	140	0.05556	0	0.2	0	0.21429	0.0625	0.075	0	0.025	0	0	0	0.39583	0.05556	0.07692	0	0	0	0	0
	141	0.16667	0.35	0.1	0	0.07143	0.125	0.225	0.45	0.525	0.46667	0	0	0	0	0	0	0.16667	0.1875	0.29167	0
	142	0	0.1	0.3	0.5	0	0.0625	0.025	0	0	0	0.54167	0	0.60417	0.5	0.65385	0.38889	0	0.04167	0	0.18
	143	0.38889	0.25	0.2	0	0.35714	0.5	0.225	0.35	0.075	0.53333	0.04167	0	0	0	0	0.08333	0.75	0.66667	0.52083	0.06
	144	0.33333	0.05	0.1	0.5	0.28571	0	0.3	0	0.125	0	0.375	1	0	0.08333	0.03846	0.52778	0.04167	0.04167	0.125	0.68
	145	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	0
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04
	147	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	149	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	150	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	151	0	0.25	0.1	0	0.07143	0	0.1	0	0.05	0	0	0	0	0.25	0	0	0	0.04167	0	0.02
	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07692	0	0	0	0	0
	182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	183	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	189	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN
Bi11	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25
	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13889	0	0	0	0.08
	110	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0.15385	0	0	0	0	0
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0.02778	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04
	131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0.06
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0.14
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	140	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	142	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.41667	0	0	0	0.36

[illegible]

Table S7. Continued.

Study sites																						
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA V11	LA V12	LA V13	MM YAN	
Bp181	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25	
	108	0	0	0	0	0	0	0.075	0.025	0.025	0.03333	0.08333	0	0	0.02778	0	0	0.02083	0	0.02083	0	
	110	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0.05556	0	0	0.10417	0.02083	0.14583	0	
	114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	116	0	0	0	0	0.07143	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	118	0.05556	0.15	0	0	0.07143	0.125	0.2	0.15	0.175	0.23333	0.0625	0	0.08333	0.13889	0.07692	0.02278	0	0.0625	0.0625	0.04	
	119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.16667	0.53846	0	0	0	0		
	120	0.55556	0.55	0.5	0	0.85714	0.5	0.6	0.65	0.55	0.63333	0.20833	0	0.125	0.16667	0.03846	0.08333	0.125	0.14583	0.1875	0.24	
	121	0	0	0.4	1	0	0	0	0	0	0	0.27083	0.5	0.20833	0.05556	0.11538	0.63889	0.33333	0.39583	0.20833	0.26	
	122	0.38889	0.3	0.1	0	0	0.25	0.125	0.175	0.2	0.1	0.375	0	0.47917	0.38889	0.19231	0.19444	0.41667	0.29167	0.3125	0.4	
	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.02	
	124	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	
	132	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.04
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	
	141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0.02083	0	0	
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	
	191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	
	Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA V11	LA V12	LA V13	MM YAN
Bt4.6a	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25	
	114	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0.03846	0	0	0.02083	0	0.06	
	119	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0.04	
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0.19231	0	0	0	0	0	
	121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	
	122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13889	0	0	0.04167	0.02083	0	0	
	125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	127	0	0.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0.02083	0	0	
	129	0.05556	0	0	0	0	0.125	0	0.025	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02	
	131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	0	0	
	132	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02	
	133	0	0	0	0	0.42857	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	135	0.05556	0	0	0.5	0	0	0	0.05	0.025	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
	137	0.05556	0	0	0	0	0	0	0.125	0.025	0.075	0	0.0625	0	0.08333	0	0	0	0.08333	0	0	0.08
	139	0.05556	0.25	0.1	0	0.21429	0	0.075	0.05	0.05	0.1	0	0	0.125	0.02778	0.07692	0	0.02083	0.08333	0.0625	0.08	
	141	0.16667	0.25	0.1	0	0	0.125	0.175	0.175	0.175	0.06667	0.04167	1	0.0625	0.13889	0.23077	0.05556	0.04167	0.02083	0	0.06	
	143	0.11111	0	0	0	0	0.125	0.05	0.15	0.125	0.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	144	0	0	0.1	0	0	0	0.025	0	0	0	0.0625	0	0.125	0.11111	0.07692	0.22222	0.08333	0.0625	0.02083	0.12	
	145	0.16667	0	0	0	0.28571	0.0625	0.2	0.3	0.05	0.23333	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	146	0	0	0.3	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0.20833	0	0.19231	0.02778	0.16667	0.125	0.02083	0.22	
	147	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.1	0.03333	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	
	148	0.05556	0	0.1	0	0	0.0625	0.075	0.025	0.15	0	0.02083	0	0.08333	0.22222	0.03846	0.02778	0.08333	0.08333	0.04167	0.14	
	149	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0.02778	0	0	0	0	
	150	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0.05	0.06667	0	0	0	0	0.07692	0	0	0	0	0	
	151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0.04167	0.02778	0	0.11111	0	0	0	0.04	
	152	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.025	0.025	0.03333	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	
	153	0	0	0.2	0	0.07143	0.0625	0.075	0.125	0.05	0.16667	0.0625	0	0	0	0	0	0	0.04167	0.04167	0.04167	0.04
	154	0.27778	0.2	0	0.5	0	0.25	0.1	0	0.025	0	0.27083	0	0	0	0	0	0.44444	0.375	0.375	0.6875	0.04
	155	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.03333	0	0	0.125	0.02778	0	0	0	0	0	0	
	156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.20833	0	0.02083	0.08333	0	0.05556	0	0.02083	0.04167	0.04	
	157	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0.02083	0	0.03846	0	0	0	0	0	
158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	
159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
160	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.04167	0	0	
161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0.08333	0.04167	0	0	
162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
163	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	

[illegible]

Table S7. Continued.

Study sites																						
Locus	Allele/n	KR 001	KR 002	KR 003	KR 004	TW CHU	TW JIA	TW KAO	TW TIC	TW TIN	TW TIP	CN FJS	CN SHA	CN YUN	VN BC1	VN BC2	VN HCM	LA VI1	LA VI2	LA VI3	MM YAN	
Boms60	N	9	10	5	2	7	8	20	20	20	15	24	1	24	18	13	18	24	24	24	25	
	128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	155	0	0	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	163	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	164	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0
	169	0	0	0.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0.04167	0.04
	170	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0.04167	0	0	0	0.04167	0	0.02083	0
	171	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0
	174	0.11111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0
	176	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	177	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.08333	0.03846	0.05556	0	0	0	0
	178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0
	179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.04
	180	0.11111	0	0	0	0	0	0.125	0.125	0.275	0.025	0.06667	0.08333	1	0.04167	0.36111	0.30769	0.47222	0.02083	0.08333	0.08333	0.18
	181	0.16667	0	0.1	0	0	0.42857	0.3125	0.05	0.025	0.225	0.1	0.20833	0	0.0625	0.05556	0.26923	0.11111	0.20833	0.29167	0.125	0.2
	182	0.22222	0	0	0	0	0	0	0.15	0.1	0.075	0.13333	0.04167	0	0.10417	0.13889	0.07692	0.05556	0.10417	0.1875	0.02083	0.12
	183	0.11111	0.35	0	0	0	0.28571	0.0625	0.225	0.275	0.2	0.16667	0.14583	0	0.20833	0.13889	0.03846	0.02778	0.29167	0.14583	0.3125	0.2
	184	0.22222	0	0.2	1	0.21429	0.125	0.1	0.05	0.15	0.03333	0.0625	0	0.125	0.02778	0.15385	0	0	0.08333	0.10417	0.16667	0.08
	185	0	0.25	0	0	0	0	0	0.075	0.025	0	0.16667	0.125	0	0.10417	0.11111	0	0	0.0625	0	0.10417	0.04
	186	0	0	0	0	0	0	0	0.05	0.075	0.025	0.1	0.125	0	0	0	0.13889	0.04167	0	0	0	0.02
	187	0	0.05	0.1	0	0	0	0	0.05	0.05	0.2	0.03333	0.0625	0	0.10417	0.02778	0.03846	0	0.0625	0	0.02083	0.04
	188	0.05556	0.35	0	0	0	0.07143	0.0625	0.025	0.1	0.025	0.06667	0.08333	0	0	0.05556	0.07692	0	0.02083	0.0625	0	0
	189	0	0	0.2	0	0	0	0.0625	0	0	0	0.03333	0	0	0.08333	0	0	0	0.04167	0.02083	0.02083	0
190	0	0	0.1	0	0	0	0.0625	0.05	0.025	0.05	0	0.04167	0	0.02083	0	0	0	0	0	0.02083	0.02	
191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	
192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13889	0	0	0	0	
195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

Table S7. Continued.

[illegible]

Table S7. Continued.

[illegible]

Table S7. Continued.

Study sites																						
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN	
Bt4	N	5	4	20	16	1	9	1	4	24	8	6	13	28	13	6	22	8	9	33	24	
	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	103	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0.04545	0	0	0	0	
	104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0.01515	0.02083	
	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	117	0.2	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	118	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	120	0.2	0.25	0	0.03125	1	0.11111	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0.01515	0.1875
	121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	122	0.2	0.25	0.075	0.03125	0	0.16667	0	0	0	0.25	0.16667	0.03846	0.07143	0.19231	0.08333	0.09091	0.125	0.11111	0.13636	0.20833	
	124	0.2	0	0.25	0.1875	0	0.05556	0	0.5	0.58333	0.125	0.33333	0.34615	0.41071	0.15385	0.41667	0.43182	0	0.61111	0.48485	0.29167	
	126	0	0	0.075	0.21875	0	0.33333	0	0.25	0.125	0.25	0.25	0.11538	0.14286	0.15385	0.25	0.25	0.375	0.11111	0.24242	0.1875	
	128	0	0	0.225	0.15625	0	0.16667	0	0.25	0.14583	0.0625	0.25	0.26923	0.26786	0.15385	0.25	0.11364	0.3125	0.05556	0.07576	0.02083	
	130	0	0.25	0.1	0	0	0.05556	1	0	0.04167	0	0	0.03846	0.03571	0.11538	0	0.02273	0.0625	0.05556	0	0.08333	
	132	0.2	0	0.125	0.09375	0	0.05556	0	0	0.02083	0	0	0.03846	0.01786	0.03846	0	0	0.0625	0	0.01515	0	
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	134	0	0	0	0.21875	0	0	0	0	0	0.02083	0.0625	0	0.11538	0.03571	0.11538	0	0.0625	0.05556	0	0	
	135	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	136	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	0	0	
	137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	139	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01515	0	
	140	0	0.25	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	
	141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
146	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04545	0	0	0		
148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		

Table S7. Continued.

[illegible]

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Bt6.8a	N	5	4	20	16	1	9	1	4	24	8	6	13	28	13	6	22	8	9	33	24
	103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	119	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	132	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	133	0	0.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	135	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0	0	0	0
	137	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	140	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0.03846	0.01786	0.03846	0	0	0.125	0.05556	0.01515	0
	141	0	0.375	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07692	0.08929	0.07692	0	0	0	0	0	0
	142	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.0625	0	0	0	0	0	0.02273	0	0.05556	0	0
	144	0	0	0.125	0.34375	0	0.22222	0	0	0.02083	0.1875	0	0	0.03571	0	0	0	0.125	0	0.01515	0
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0.54167	0	0	0.19231	0.03571	0.03846	0.16667	0.25	0.0625	0.22222	0.18182	0
	147	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0.0625	0.0625	0	0.11538	0.26786	0.15385	0.08333	0	0	0.05556	0	0.02083
	150	0.3	0	0.025	0.125	0	0	0	0.125	0.1875	0.125	0	0.15385	0.14286	0.23077	0.08333	0.13636	0.1875	0.05556	0.07576	0.0625
	151	0	0	0	0	0	0.16667	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	153	0.3	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0.0625	0.16667	0	0.03571	0	0	0	0	0	0	0
	154	0	0	0	0	0.5	0.27778	0	0.375	0.0625	0.25	0.5	0.30769	0.19643	0.11538	0.16667	0.22727	0.125	0.33333	0.40909	0.125
	156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	159	0.4	0.375	0.4	0.46875	0.5	0.11111	0	0.375	0.04167	0.25	0.33333	0.11538	0.07143	0.34615	0.33333	0.29545	0.375	0.22222	0.24242	0.5625
	161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	162	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	168	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0
	169	0	0	0	0	0	0.16667	0.5	0	0.02083	0	0	0	0.03571	0	0	0.04545	0	0	0.01515	0.14583
	171	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	174	0	0	0.175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0.04167
	175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0.08333	0.02273	0	0	0.04545	0
	178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	190	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

[illegible]

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Bt7	N	5	4	19	13	1	7	1	4	21	8	6	9	28	13	5	21	8	9	33	24
	101	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	103	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	109	0	0	0	0	0	0	0	0.25	0	0.0625	0	0.05556	0	0.19231	0	0.02381	0.0625	0.11111	0.06061	0.02083
	115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05357	0	0	0	0.0625	0	0	0
	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0.03846	0	0	0	0.05556	0.01515	0
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.13636	0
	119	0	0	0.10526	0.03846	0	0.07143	0	0.25	0	0.0625	0.25	0.22222	0.26786	0.07692	0.1	0.04762	0.0625	0	0.10606	0.04167
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05357	0	0	0	0	0	0.01515	0.02083
	121	0.3	0	0	0	0	0.14286	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0.01515	0
	122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0.01515	0.04167
	123	0	0	0.02632	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	125	0	0	0.10526	0.07692	0	0	0	0	0.04762	0	0	0.05556	0	0	0	0.02381	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	127	0	0	0.05263	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0.02381	0	0	0	0.125
	128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	129	0	0	0.10526	0.19231	0	0.14286	0	0	0	0.0625	0	0.05556	0.05357	0.07692	0.1	0.11905	0.125	0.11111	0.12121	0.14583
	130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	131	0.1	0.375	0.28947	0.19231	0	0.14286	0.5	0.25	0.16667	0.5	0	0.16667	0.14286	0.30769	0	0.04762	0.0625	0.27778	0.13636	0.25
	133	0.5	0.625	0.18421	0.46154	1	0.35714	0.5	0.25	0.42857	0.25	0.66667	0.16667	0.33929	0.26923	0.2	0.2619	0.25	0.27778	0.24242	0.33333
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0
	135	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	136	0.1	0	0.05263	0.03846	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.03571	0	0.3	0	0.0625	0.05556	0.01515	0
	138	0	0	0.07895	0	0	0	0	0	0.02381	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	140	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02381	0	0	0	0	0	0	0.02381	0	0	0	0
	141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0.125	0	0	0
	143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0.0625	0	0.0303	0
	144	0	0	0	0	0	0.14286	0	0	0.30952	0	0.08333	0.16667	0	0	0.2	0.42857	0.125	0.11111	0.09091	0
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Bt9.1a	N	5	4	20	16	1	9	1	4	24	8	6	12	28	13	6	22	8	9	33	24
	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	115	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0.04167	0.125	0	0	0	0	0	0	0
	117	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	119	0.2	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	120	0	0	0	0	0	0.11111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	121	0.1	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	125	0	0	0.05	0.03125	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0
	127	0	0	0	0.03125	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.03571	0	0	0	0	0	0	0
	128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.14583
	129	0.1	0.125	0.1	0.1875	0	0.22222	0	0	0.08333	0.0625	0	0.04167	0.08929	0.19231	0.41667	0.18182	0.25	0.11111	0.21212	0.14583
	130	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	131	0.2	0.375	0.45	0.40625	0.5	0.22222	0	0.375	0.16667	0.5625	0	0.33333	0.21429	0.38462	0.08333	0.04545	0.25	0.33333	0.21212	0.25
	133	0.4	0.5	0.25	0.3125	0.5	0.44444	1	0.625	0.64583	0.3125	0.91667	0.54167	0.44643	0.42308	0.33333	0.68182	0.5	0.55556	0.56061	0.375
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	135	0	0	0.05	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0.08333	0	0	0	0	0.04167
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	137	0	0	0.025	0.03125	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0.08333	0.02273	0	0	0	0

138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0
142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0
144	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0.03571	0	0	0	0	0.01515	0
146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0
148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0
151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Bt7.2b	N	5	4	20	16	1	9	1	4	24	8	6	13	28	13	6	22	8	9	33	24
	102	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	0
	135	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07143	0.07692	0	0	0	0	0	0
	141	0.4	0.5	0.65	0.53125	0	0	0	0	0.04167	0	0.16667	0	0.07143	0	0	0	0	0	0	0.25
	142	0	0	0	0	0	0.38889	0	0.375	0.29167	0.0625	0.25	0.34615	0.08929	0.07692	0	0.09091	0.1875	0.16667	0.09091	0
	143	0.4	0.5	0.325	0.375	0	0.16667	0	0	0	0.25	0.08333	0.03846	0.28571	0.34615	0.16667	0.09091	0.125	0.05556	0.25758	0.58333
	144	0	0	0	0	1	0.44444	1	0.375	0.60417	0.4375	0.5	0.5	0.33929	0.38462	0.75	0.81818	0.625	0.61111	0.59091	0.10417
	145	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	147	0	0	0	0.03125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.07692	0.01786	0.03846	0	0	0	0.05556	0	0
	149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	150	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0
	151	0.2	0	0.025	0	0	0	0	0.25	0.04167	0.1875	0	0.03846	0.03571	0.03846	0.08333	0	0.0625	0.11111	0.06061	0
	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03571	0	0	0	0	0	0	0
	183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03571	0	0	0	0	0	0	0
	189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Bi11	N	5	4	20	16	1	9	1	4	24	8	6	13	28	13	6	22	8	9	33	24
	108	0	0	0	0	0	0.11111	0	0	0.0625	0.0625	0.16667	0.07692	0.03571	0.03846	0.25	0.18182	0.1875	0.11111	0.06061	0
	110	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	120	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0
	127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07692	0	0	0	0	0	0	0	0
	129	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0.02083	0	0	0	0	0.03846	0	0.04545	0.0625	0.05556	0.10606	0
	131	0	0	0	0	0.5	0	0	0	0	0.125	0	0.03846	0.03571	0.07692	0	0	0.0625	0.05556	0.10606	0
	133	0	0	0	0	0.5	0.11111	0.5	0.25	0.04167	0.25	0.33333	0.07692	0.16071	0.26923	0	0.09091	0	0.05556	0.18182	0
	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	136	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	140	0	0	0.075	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0
	142	0.3	0.25	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	143	0	0	0	0	0	0.44444	0.5	0.25	0.08333	0.0625	0.16667	0.34615	0.125	0.03846	0.25	0.22727	0.3125	0.16667	0.18182	0

144	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0.02083
145	0	0	0	0	0	0.16667	0	0.25	0.0625	0	0.16667	0.15385	0.01786	0.07692	0.16667	0.15909	0.125	0.11111	0.12121	0
146	0	0.125	0	0.09375	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
148	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0.05556	0	0
149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
150	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0.08333	0.125	0	0	0.01786	0	0	0.04545	0	0	0	0
152	0.6	0.625	0.925	0.6875	0	0	0	0.25	0.5625	0.375	0.08333	0.23077	0.51786	0.46154	0.33333	0.20455	0.25	0.38889	0.24242	0.95833
153	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
154	0	0	0	0.03125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
166	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
183	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03571	0	0	0	0	0	0	0

Table S7. Continued.

[illegible]

[illegible]

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Boms60	N	5	4	18	16	1	9	1	3	24	8	6	13	28	13	6	22	8	9	24	
	128	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	33	24
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0
	155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	156	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0
	161	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	163	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0.01786	0	0.08333	0	0	0	0	0
	164	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0.08333	0.02273	0	0	0	0
	169	0	0	0	0.09375	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0
	170	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	174	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	176	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	0	0	0
	177	0	0.125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1875	0	0	0
	178	0	0	0	0.03125	0	0	0	0	0	0.02083	0.0625	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083
	180	0.1	0.25	0.11111	0.03125	0	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0.07143	0	0	0	0.125	0	0.08333
	181	0	0	0.02778	0.09375	0.5	0.27778	1	0	0.14583	0.0625	0.41667	0.15385	0.14286	0.26923	0.08333	0.06818	0	0.11111	0.12121	0.29167
	182	0.5	0.25	0.19444	0.40625	0	0.33333	0	0	0.20833	0.125	0	0.19231	0.08929	0.19231	0.08333	0.15909	0.1875	0.33333	0.15152	0.14583
	183	0.2	0.25	0.27778	0	0	0.11111	0	0	0.29167	0.1875	0	0.07692	0.03571	0.07692	0.08333	0.15909	0.0625	0	0.13636	0.14583
	184	0	0	0.16667	0	0.5	0.16667	0	0.16667	0.125	0.25	0.08333	0.07692	0.17857	0.15385	0.08333	0.18182	0.1875	0	0.10606	0.08333
	185	0	0.125	0.05556	0.03125	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.19231	0.07143	0.15385	0.16667	0.04545	0.125	0.05556	0.01515	0.10417
	186	0.1	0	0.05556	0	0	0	0	0.16667	0.02083	0.1875	0.25	0.07692	0.08929	0.07692	0.08333	0.04545	0	0.22222	0.06061	0.02083
	187	0	0	0.02778	0	0	0.05556	0	0	0.5	0.02083	0	0.08333	0.07692	0.16071	0	0.04545	0.125	0	0.09091	0.02083
	188	0	0	0.02778	0.125	0	0	0.16667	0.04167	0.0625	0.16667	0.0625	0.11538	0.08929	0.07692	0.08333	0.20455	0	0.16667	0.27273	0.02083
	189	0.1	0	0.02778	0.03125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0.05556	0.0303	0
190	0	0	0.02778	0.03125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0.16667	0.02273	0	0.05556	0.01515	0
191	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
192	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083

Table S7. Continued.

Study sites																					
Locus	Allele/n	TH BAN	TH CHA	TH DA1	TH DA2	KH PNP	IN DEL	NP POK	PH BUS	PH GUG	PH GUZ	PH LU1	PH LU2	PH LU3	PH MIN	PH PA1	PH PA2	PH PA3	PH PA4	PH PA5	MY PEN
Bt5	N	5	4	19	15	1	9	1	4	24	8	6	13	28	13	6	22	8	9	33	24
	139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	146	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	148	0	0	0	0	0	0	0	0	0.20833	0	0	0	0.03571	0	0	0.06818	0	0	0	0
	150	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	151	0.1	0	0.07895	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07143	0	0	0	0	0	0	0
	152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07692	0	0.03846	0	0.04545	0.0625	0	0.07576	0
	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0	0	0.07692	0	0	0	0	0.01515	0
	154	0	0	0.02632	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	155	0	0	0.13158	0	0	0	0	0.25	0	0	0	0	0	0.07692	0	0.04545	0	0	0	0
	157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0303	0
	159	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0.0625	0.16667	0	0
	160	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	163	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04167	0	0	0	0.01786	0	0.16667	0	0	0	0	0
	166	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	168	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	169	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	170	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0.125	0.08333	0.07692	0.03571	0	0	0.13636	0.0625	0	0.01515	0.02083
	171	0	0	0	0.06667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0.04545	0	0	0	0
	172	0	0	0	0	1	0.22222	0	0	0.33333	0.25	0	0	0.125	0.19231	0.33333	0.34091	0.125	0.16667	0.30303	0.5625
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0.16667	0.07692	0.05357	0.03846	0	0.06818	0.1875	0.05556	0.04545	0.02083
	175	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0.16667	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	176	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	177	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	0	0	0
	178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0
	179	0	0.125	0.02632	0.16667	0	0.05556	0	0	0.02083	0	0	0	0.01786	0.03846	0	0	0	0	0.01515	0
	180	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0	0	0	0	0	0	0	0	0.10417
	181	0.3	0.25	0.31579	0.23333	0	0.11111	0	0	0	0.0625	0.33333	0.07692	0.23214	0.23077	0.08333	0	0.0625	0.05556	0	0.16667
	182	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	183	0.5	0.375	0.34211	0.2	0	0.38889	0	0	0.08333	0.1875	0	0.19231	0.16071	0.15385	0.08333	0.06818	0.0625	0.16667	0.18182	0.04167
	184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	185	0	0.25	0.07895	0.06667	0	0.11111	0	0	0.0625	0.25	0.08333	0.11538	0.07143	0.11538	0.16667	0.04545	0.1875	0.16667	0.04545	0.0625
	186	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0.07692	0.08929	0.03846	0	0.06818	0.0625	0.05556	0.04545	0.02083
	187	0	0	0	0.03333	0	0.11111	1	0.75	0.04167	0.0625	0.08333	0.15385	0.07143	0	0.08333	0.02273	0.0625	0.16667	0.18182	0
	188	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	189	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0.02083	0	0	0.03846	0.01786	0	0	0	0	0	0.0303	0
	191	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04545	0	0	0.01515	0
	195	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0	0	0	0