

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

Hyojoong Kim <sup>1,\*</sup>, Sohee Kim <sup>1,2</sup>, Sangjin Kim <sup>1</sup>, Yerim Lee <sup>1,\*</sup>, Heung-Sik Lee <sup>2,\*</sup>, Seong-Jin Lee <sup>2</sup>, Deuksoo Choi <sup>2</sup>, Jaeyong Jeon <sup>2</sup> and Jong-Ho Lee <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Animal Systematics Laboratory, Department of Biology, Kunsan National University, Gunsan, Jeonbuk 54150, Korea

<sup>2</sup> Animal & Plant Quarantine Agency, Gimcheon, Gyeongbuk 39660, Korea

<sup>†</sup> 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			
		(Siheung, Gyeonggi)	(3)		02/09/2016	
		(Ansan, Gyeonggi)	(1)	N/A	07/06/2016	APQA
		(Gimhae, Gyeongbuk)	(3)		24/08/2016	
KR 002	Korea	(Incheon, Gyeonggi)	(2)		11/09/2015, 06/10/2015	
		Quarantine-detected group 2	10			
KR 003	Korea	(Jeju, Jeju)	(10)	N/A	26/09/2015~16/10/2015	APQA
		Quarantine-detected group 3	5			
KR 004	Korea	(Seogwipo, Jeju)	(4)	N/A	2015~2017	APQA
		(Uijeongbu, Gyeonggi)	(1)		18/07/2017	
TW CHU	Taiwan	Quarantine-detected group 4	2	N/A	03/08/2017	APQA
TW JIA	Taiwan	(Uijeongbu, Gyeonggi)				
TW KAO	Taiwan	Chung Hsing university, Taichung	7	24°07'23.5"N 120°40'32.9"E	18/11/2016	APQA
TW TIC	Taiwan	City of Jiayi (Chiayi)	8	23°26'29.2"N 120°30'29.4"E	10/11/2016	APQA
TW TIN	Taiwan	Kaohsiung	20	22°44'06.5"N 120°22'23.6"E	09/11/2016	APQA
TW TIP	Taiwan	Taichung City	20	24°08'08.9"N 120°41'08.9"E	10/11/2016	APQA
CN FJS	China	Tainan, Dōngshān Qū	20	23°17'13.8"N 120°23'57.6"E	09/11/2016	APQA
CN SHA	China	Taipei City	15	25°01'47.0"N 121°32'08.7"E	11/11/2016	APQA
CN YUN	China	Fújiàn Shěng	24	24°53'11.0"N 118°39'17.6"E	28/08/2016	JJ
VN BC1	Vietnam	Shànghǎi,	1	31°13'50.5"N 121°28'22.2"E	28/08/2016	JJ
VN BC2	Vietnam	Yúnnán Shěng	24	23°34'21.6"N 104°19'36.9"E	08/08/2017	JJ
VN HCM	Vietnam	Bồ hồ, Cúc Phương	18	20°15'30.7"N 105°42'26.6"E	09/05/2017	HN
LA V11	Laos	Bồ hồ, Cúc Phương	13	20°15'30.7"N 105°42'26.6"E	11/05/2017	HN
LA V12	Laos	Hồ Chí Minh	18	10°46'37.3"N 106°41'00.5"E	10/12/2015	HK
LA V13	Laos	Vientiane	24	17°58'32.1"N 102°37'53.2"E	14/12/2016	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) <sub>5</sub>	CGTTACGTTGGTTGCACGTAG	108-110	61.3	4	AY847282	Shearman <i>et al.</i> 2006
		Bp200_R		CAACACGGCCACACATTCATTG		61.3			
	2	Bi4_VIC	(CT) <sub>6</sub> GCT	GCACTCGCATGCTTGAGTC	123-126	60.5	4	EU868615	Khamis <i>et al.</i> 2008
		Bi4_R		CCGGTTTTGTGCCAAAAG		53.9			
	3	Bt5.8a_NED	(TG) <sub>8</sub>	CACGACGTATGATTCAATTGC	133	58.4	4		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt5.8a_R		GCTTACTGCAATTCACACTTC		59.4			
4	Bt4_FAM	(GT) <sub>5</sub>	AGTGGGTGTGCTCACATTAC	120-126	58.4	4		Kinnear <i>et al.</i> 1998	
	Bt4_R		AATGGCTAACGTGCCGCGA		60.5				
(B)	5	Bi8_VIC	(AC) <sub>5</sub> AT(AC) <sub>2</sub>	ACAAGTGCAGCAAAGACACG	118-138	58.4	7	EU868619	Khamis <i>et al.</i> 2008
		Bi8_R		ATCACATCATGAGCGTTCA		56.4			
	6	Bt6.8a_NED	(CAT) <sub>5</sub>	AGCAACACTATAGGCTGGTC	147	58.4	3		Wang <i>et al.</i> 2003
Bt6.8a_R	GTAACGCGTTACTGTCATTG	56.4							
7	Boms3a_PET	(TA) <sub>2</sub> TG(TA)CA(TA) <sub>3</sub> A <sub>2</sub> (TG) <sub>3</sub> CA(TG)(TC) <sub>2</sub> (TA) <sub>2</sub> (TG) <sub>7</sub>	CAGTCGCCCTTAAATTTGC	176	55.2	4	EU489747	Augustinos <i>et al.</i> 2008	
	Boms3a_R		GGGTCCTTTTGTCTCAGG		57.3				
8	Bi7_FAM	(CA) <sub>3</sub> A(CA) <sub>2</sub>	CTCGCTTCATTCAAATCCA	107-118	56.4	5	EU868618	Khamis <i>et al.</i> 2008	
	Bi7_R		CGACACGTTAAGTGCCAAAA		56.4				
(C)	9	Bt9.1a_VIC	(AC) <sub>11</sub>	ACAAAATGGCGTGGCATGTC	142	57.3	5		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt9.1a_R		TGTGCGCTAACAATCTAACGC		59.4			
	10	Bt7.2b_NED	(CA) <sub>6</sub> CG(CA) <sub>3</sub>	GCGATCCAATTTCCGAATAAC	147	57.4	3		Wang <i>et al.</i> 2003
Bt7.2b_R	CAATTGCCAGCAATAAGTGG	56.4							
11	Bi11_PET	(TC) <sub>3</sub> T(TC) <sub>3</sub>	TGGGTCACCGTCCCTTAAT	140-147	56.4	3	EU868622	Khamis <i>et al.</i> 2008	
	Bi11_R		GCCCATAGACATCCAGGGTA		60.5				
12	Bp181_FAM	(AC) <sub>8</sub>	AAAGGTGCATGCCTTCGTGTAG	112-126	62.1	4	AY847280	Shearman <i>et al.</i> 2006	
	Bp181_R		TGGCTTCATCGATGAATCTGCG		62.1				
(D)	13	Bt4.6a_VIC	(GT) <sub>5</sub>	GCATGCATGTGACAAGGAGA	137	58.4	6		Wang <i>et al.</i> 2003
		Bt4.6a_R		CCATGTACAGCCGAGGTAATG		62.1			
	14	Boms60_NED	CACAA <sub>2</sub> (CA3) <sub>2</sub> / A <sub>13</sub> CA <sub>5</sub> TA <sub>4</sub> N <sub>4</sub> A <sub>2</sub> CA <sub>2</sub> TA <sub>2</sub> CA <sub>5</sub>	TGGACGGCACATATCAG	170	56.1	6	DQ078251	Augustinos <i>et al.</i> 2008
Boms60_R	ACGACGTTTAGCGGAAATGAG	59.4							
15	Bt5_PET	(CA) <sub>8</sub>	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 VII	LA VI2	LA VI3	MM YAN
H1	8	10	4			6		16	4	13	22					14	21	20	22	19
H2	1							1	1								1			
H3			1							1										1
H4				2																
H5						1														
H6					1															
H7								1												
H8							1													
H9									1											
H10									1											
H11										1										
H12											1									
H13											2									
H14											1									
H15															3					
H16																	1			
H17																	1			
H18																		1		
H19																		1		
H20																			1	
H21																				1
H22																				1
H23																				1
H24																				1
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																				
Number of Haplotype	2	1	2	1	0	3	0	4	4	4	3	0	0	0	1	1	4	3	2	6

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
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						
H43																1	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	0.082	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 V11																			
LA V12																			
LA V13																			
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	<b>0.815</b>	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	<b>0.860</b>	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		<b>0.851</b>			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	<b>1.000</b>		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		<b>0.785</b>	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	<b>0.789</b>	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	<b>0.698</b>	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	<b>0.672</b>	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	<b>0.663</b>	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	<b>0.739</b>				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	<b>0.576</b>	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				<b>1.000</b>		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		<b>0.620</b>	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	<b>0.616</b>	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	<b>0.617</b>	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	<b>0.649</b>		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	0.022	0.024	0.007	<b>0.615</b>	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	<b>0.604</b>	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	<b>0.604</b>	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	<b>0.609</b>
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
IN DEL	0.001		0.066			0.030		0.002	0.004	0.001				0.031	0.007	0.028		0.004	0.011	0.201
NP POK			0.041			0.018			0.001					0.016					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
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	0.002			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	<b>0.849</b>	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	<b>0.896</b>	0.008	0.002						0.005	0.001	0.003	0.010	0.001	0.001					
TH DA1	0.027	0.044	<b>0.693</b>	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	<b>0.687</b>	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	0.002			<b>1.000</b>	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	<b>0.739</b>	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	<b>1.000</b>	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	<b>0.829</b>	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	<b>0.630</b>	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	<b>0.777</b>	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	<b>0.754</b>	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	<b>0.706</b>	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	<b>0.609</b>	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	<b>0.710</b>	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	<b>0.818</b>	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	<b>0.590</b>	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	<b>0.788</b>	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	<b>0.736</b>	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	<b>0.533</b>	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	<b>0.590</b>





Table S7. Continued.

Locus	Study sites																				
	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 BCI	VN BC2	VN HCM	LA VII	LA VI2	LA VI3	MM YAN
B14	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.

Locus	Study sites																				
	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	0.375	0.375	0.22917	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
B17	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	0.025	0	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	0.04167	0.04348
	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	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	0.08333	0.04167	0	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	0.02083	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	0.08333	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	0.0625	0	0
140	0	0	0.1	0	0	0	0	0.025	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
144	0	0	0	0	0	0.25	0	0	0	0.025	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
148	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

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 VII	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	
	105	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	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	
	123	0	0	0	0	0	0.125	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	
	133	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	0.05	0	0	0	0.04167	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	
	138	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05	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	0.02	
	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	
	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	
	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	0.18	
	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	0.08333	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	
	145	0.05556	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0	
	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.04	
	147	0	0	0	0	0	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	
	148	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	
	150	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	0.02	
	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	0	
	163	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02083	
	167	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	0.07692	0	0	0	0	
	182	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	
	187	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	
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 VII	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	0.03333	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



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
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	0.02778	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	0.27083	0.5	0.20833	0.05556	0.11538	0.63889	0.33333	0.39583	0.20833
	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	0.02083	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	0.5	0	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 VI1	LA VI2	LA VI3	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	0.02083	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	0.125	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
	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
	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	0.04167	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	0.44444	0.375	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
	159	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
	161	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03333	0	0	0	0	0	0	0	0.08333	0.04167	0
	162	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













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	0.125	0	0.01515	0	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	0.0625	0	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.

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	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	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	0	
	117	0	0	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	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	0.10606	0.04167	0
	120	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05357	0	0	0	0	0	0.01515	0.02083	0
	121	0.3	0	0	0	0	0.14286	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03846	0	0	0	0	0.01515	0	0
	122	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0.01515	0.04167	0
	123	0	0	0.02632	0	0	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	0.04762	0	0	0.05556	0	0	0	0.02381	0	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	0	0
	127	0	0	0.05263	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0.02381	0	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	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	0	0
	130	0	0	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	0	0	
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	0	0	
134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.1	0	0	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	0	0.02083	
136	0.1	0	0.05263	0.03846	0	0	0	0	0	0	0.0625	0	0	0.03571	0	0.3	0	0.0625	0.05556	0.01515	0	0	
138	0	0	0.07895	0	0	0	0	0	0	0.02381	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02381	0	0	0	0	0	0	0.02381	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	0	0	
142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.05556	0	0	0	0	0.125	0	0	0	0	
143	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0.0625	0	0.0303	0	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	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		
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	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	0	
	117	0	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	0	
	119	0.2	0	0.025	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	120	0	0	0	0	0	0.11111	0	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	0	
	122	0	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	0	
	125	0	0	0.05	0.03125	0	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	0	
	127	0	0	0	0.03125	0	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	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	0	
	130	0	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	0	
	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	0	
	134	0	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	0.04167	0	0	0	0	0.08333	0	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	0		
137	0	0	0.025	0.03125	0	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	0
139	0	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	0
142	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.02273	0	0	0	0	0
144	0	0	0.025	0	0	0	0	0	0.02083	0	0	0	0.03571	0	0	0	0	0	0.01515	0	0
146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0	0
148	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	0	0	0	0	0	0
151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.01786	0	0	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	0.08333	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	0.01786	0	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





