

Genetic analysis of Douglas-fir stands (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) from Switzerland

REPORT 03.02.2022

Charalambos Neophytou, Senior Scientist, Institute of Silviculture, BOKU

1. Introduction

The Professorship of Forest Ecology of the Department of Environmental Systems Science, ETH Zürich (Zurich, Switzerland) currently performs a dendrochronological and physiological study of Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) stands in Switzerland. An important question is whether there is a genetic effect on the phenotype. The Institute of Silviculture of the BOKU University (Vienna, Austria) has expertise in population genetics of Douglas fir with previous results published in three scientific papers: van Loo et al. (2015), Hintsteiner et al. (2018) and Neophytou et al. (2019). Therefore, a population genetic analysis of the studied populations was assigned to the Institute of Silviculture of the BOKU University (Vienna, Austria) to assess the origin and genetic variation of the study stands, based on the methods published in the aforementioned studies.

Hence, for the genetic characterization of the Swiss stands, the same microsatellite marker loci, as well as a subset of native populations (reference populations) from the three cited studies were used. In particular, the objectives of the analysis were (i) to identify the variety at the individual and population level (either *P. menziesii* var. *menziesii* or var. *glauca*); (ii) to assign populations and individuals to provenances within varieties; (iii) to describe the genetic diversity using different population genetic measures and to compare them with values observed in the native range of the species.

2. Materials and Methods

Tissue samples (cambium) were shipped to the molecular genetics laboratory of the Institute of Silviculture in September 2021. Subsequently, DNA extraction was carried out using a commercial kit (Qiagen DNEasy plant mini kit). Details on the extraction are presented in the Appendix 1. In total, thirteen microsatellite loci (SSRs) were then amplified by means of a Polymerase Chain Reaction (PCR). In particular, the following loci were amplified: Pm_OSU_1C3, Pm_OSU_1F9, Pm_OSU_2C2, Pm_OSU_2D4, Pm_OSU_2D6, Pm_OSU_2D9, Pm_OSU_2G12, Pm_OSU_3B2, Pm_OSU_3B9, Pm_OSU_3F1, Pm_OSU_3D5, Pm_OSU_4A7 and Pm_OSU_5A8 (all developed by Slavov et al. 2004). The PCR-primers were multiplexed and fluorescent dyed according the protocols of van Loo et al. (2015), Hintsteiner et al. (2018) and Neophytou et al. (2019). The PCR products (alleles) were separated using capillary electrophoresis in a SeqStudio Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Peak selection was performed manually using the software GeneMapper v6.0 (Applied Biosystems). In total, 161 Douglas-fir individuals sampled from eight

populations in Switzerland were genotyped (Table 1). In addition, 126 native individuals from six provenances (also used in the cited papers), including both varieties, were genotyped (Fig. 1). Allele binning was done using the software Tandem (Matschiner & Salzburger 2009). The genotype table with unrounded fragment sizes and binned alleles is presented in Appendix 2.

Table 1 – IDs of Swiss and native Douglas fir populations and number of genotyped individuals per population included in this analysis

Population ID	Population name	Number of individuals
Cai	Les Cairfatas	20
Ges	Bois des Gésiaux	20
Grm	St. Germanerflüe	20
Kun	Küngoldingen	20
Rue	Rüsterwald	20
Sca	Scaréuro	20
Som	Sommerwies	21
Uet	Ütliberg	20
R05	Tercer (Oregon, USA)	20
R12	Darrington (Washington, USA)	20
R32	Mount Benson, Vancouver Island (British Columbia, Canada)	19
R33	Lewis & Clark, National Forest (Montana, USA)	20
R38	Tercer (British Columbia, Canada)	18
R39	Alger Creek (British Columbia, Canada)	20

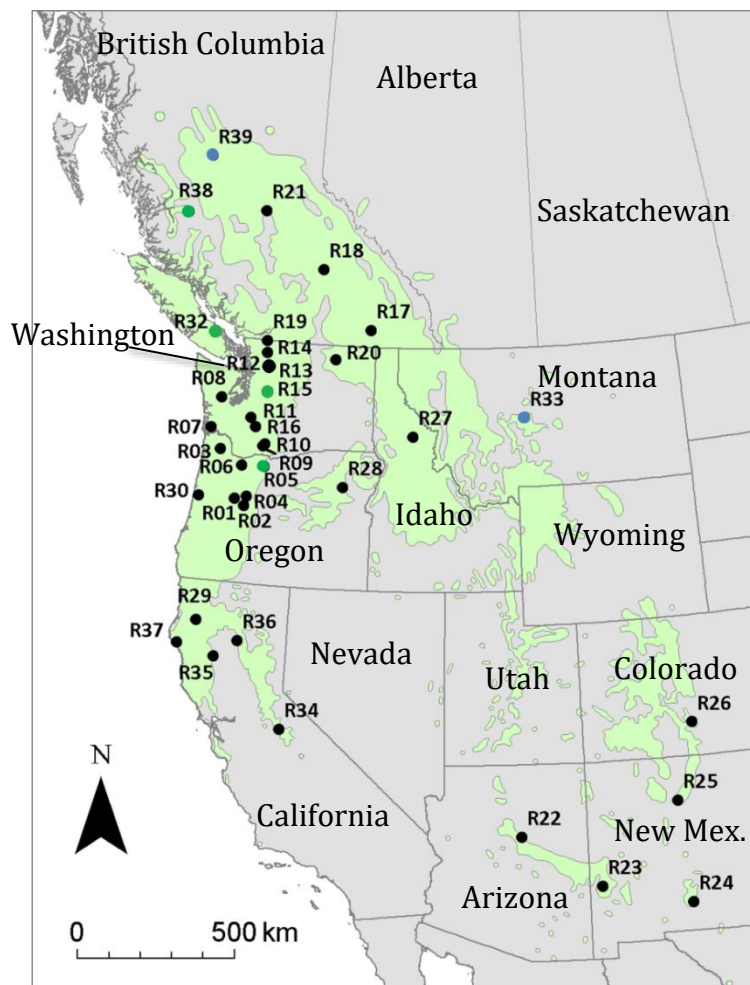


Figure 1 – Location of the six reference (native) populations (R05, R12, R21, R33, R38 and R39). Populations of the coastal and interior variety are depicted with green and blue dots, respectively.

Subsequently, the population genetic structure was examined. First, a Bayesian cluster analysis using the software STRUCTURE (Pritchard et al. 2000, Falush et al. 2003) was performed in order (i) to subdivide the sample set into a predefined number of K clusters based on the genetic data and (ii) to assign individuals a membership proportion to each of the derived clusters. For all STRUCTURE analyses the same parameter options as in Hintsteiner et al. (2018) were used (admixture model; correlated allele frequencies). For averaging of runs and graphical representation the CLUMPAK software was used (Kopelman et al. 2015) which also implements the CLUMPP method to account for cluster switching and averaging among runs (Jakobsson & Rosenberg 2007). Second, assignment tests were performed using the software GeneClass2 (Piry et al. 2004). The aim was to assign Swiss Douglas firs to one of the six native populations both at the individual and at the stand level. To assess the performance of the method, self-assignment tests were performed following the methods and options described in Hintsteiner et al. (2018) (see also citations therein). Third, genetic differentiation was calculated as an additional approach to investigate the genetic relationships among the populations. For this purpose, pairwise fixation indices (F_{ST} -values) were computed and visualized by means of a Principal Coordinate Analysis using the software GenAlEx v.6.503 (Peakall & Smouse

2006, 2012). Additionally, a neighbour-joining tree was constructed based on the pairwise F_{ST} -matrix using Phylip (Felsenstein 1993) and plotted by using FigTree v.1.4.3 (Rambaut et al. 2004). Fourth, diversity measures were calculated using GenAlEx and ADZE (Szpiech et al. 2008). The latter program was used to compute the allelic richness with rarefaction which is less prone to bias caused by differences in sample size.

3. Results and Discussion

3.1. Genetic structure and assignment analysis

For the whole sample set (Swiss and native Douglas fir) the STRUCTURE analysis identified meaningful differentiation for up to seven clusters. In cases with inconsistent clustering pattern across runs, the clustering solution with the highest probability was selected. For two assumed clusters ($K = 2$), the two varieties were distinguished. The Swiss population Grm (St. Germanerflüe) clustered together with the native interior variety whereas all other populations were assigned to the cluster of the coastal variety (Figure 2). For $K = 3$, two further clusters were found within the coastal variety. Individuals of the native population R32 (Vancouver Island, Canada) displayed a high membership proportion to the first cluster, coloured with dark green in Figure 2. The northernmost native population R38 (Alger Creek, British Columbia, Canada) was assigned to the second cluster, coloured with bright green in Figure 2. The two native populations from the Cascades in Oregon (R05) and Washington (R12) (USA) demonstrated a mixed membership to these both clusters. For $K = 4$, a further subdivision of the interior Douglas fir was observed between a northern cluster including the native population R39 (Tercer, British Columbia, Canada) and a southern cluster including population R33 Lewis & Clark National Forest (Montana, USA). The Swiss population Grm showed high affinity to the southern cluster of the interior variety (including R33). For $K = 5$, a new cluster was formed within the coastal variety, which included the populations R05, R12 and Sca (Scaréuro). The other Swiss populations of the coastal variety further showed affinity to this cluster including the native provenance R32. For $K = 6$, the Swiss population Sca was mainly assigned to a new cluster whereas all other Swiss populations were intermixed between this new cluster and the cluster dominated by R32 (Vancouver Island, Canada). A subsequent STRUCTURE analysis including only the Swiss populations (Figure 3) confirmed the aforementioned clustering pattern.

To further investigate the origin of the tested Swiss Douglas fir populations, assignment tests were performed at different hierarchical levels. To define the different hierarchical levels, a separate STRUCTURE analysis was performed which included only the native Douglas fir populations (Figure 3). At $K = 2$, the varieties were resolved. The first subdivision in the coastal variety was observed at $K = 3$ and for the interior variety at $K = 4$. At $K = 5$, each population formed a separate cluster with the exception of R05 and R12 which clustered together. At $K = 6$, all six provenances clustered separately. Again, assignment tests were performed for different hierarchical levels (K -values), which showed similar results compared to the analysis including all populations.

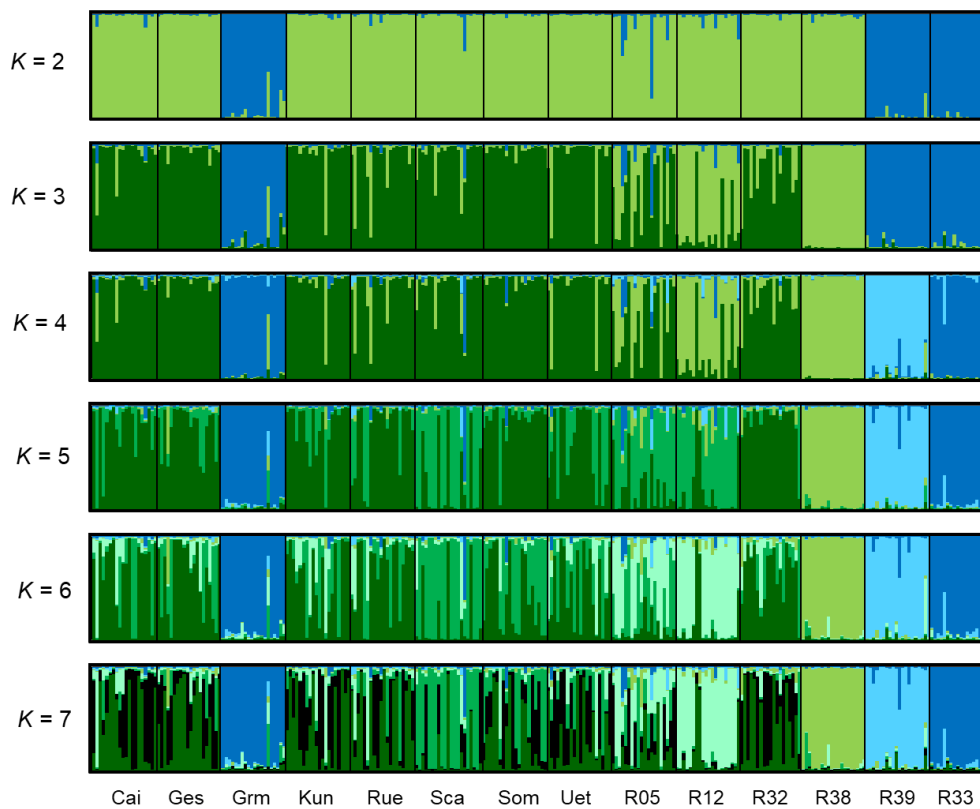


Figure 2 – Results of the STRUCTURE analysis for the Swiss (left) and native Douglas-fir populations (right). Each derived cluster is displayed with a different colour, each individual is represented by a bar, showing the proportions of memberships to the different clusters.

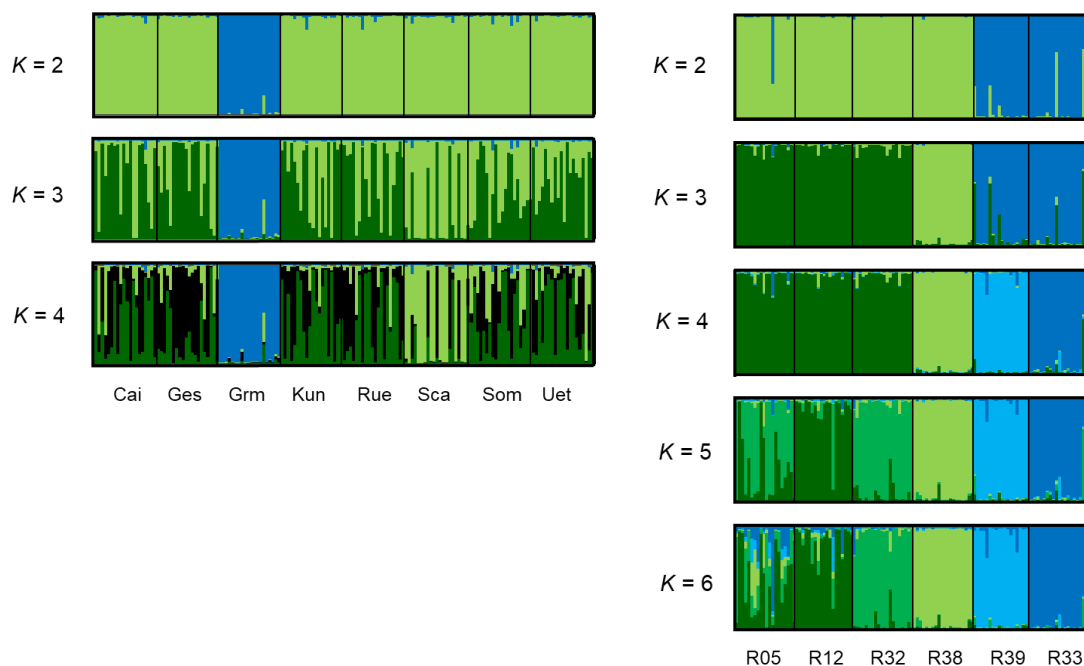


Figure 3 – Results of separate STRUCTURE analyses for the Swiss (left) and the native (right) populations of Douglas fir.

The cluster configurations resulting from the STRUCTURE analysis for native populations only (Figure 3) were used to define the reference (native) populations for the genetic assignment analysis performed with GeneClass2. For example, in case of $K = 2$, individuals from populations R05, R12, R32 and R38 were pooled into reference population 1, corresponding to the coastal variety, whereas populations R33 and R39 were pooled to constitute population 2 (corresponding to the interior variety; see Table 2). The higher the genetic differentiation among reference populations is for a specific cluster configuration, the higher is the efficiency and the accuracy of assignment. To assess the method performance, self-assignment tests were carried out and the parameters quality index (average assignment score of each individual to its own population) and percentage of correctly assigned individuals were computed. As expected, for $K = 2$ the method performance was the highest as the genetic differentiation between the varieties is relatively high. When subdividing the varieties into lower order clusters, the accuracy is reduced as within-variety clusters are genetically less differentiated. The performance of assignment by means of GeneClass2 according to cluster configuration is summarized in Table 2.

Table 2 – Performance of assignment tests assessed by means of a self-assignment test in GeneClass2

Native cluster configuration	Clusters of native populations (reference populations in GeneClass2)						Self-assignment performance	
	1	2	3	4	5	6	Quality index (%)	% corr. assigned
$K = 2$	R05, R12, R32, R38	R33, R39	-	-	-	-	95,7	98,3
$K = 3$	R05, R12, R32	R38	R33, R39	-	-	-	88,0	91,5
$K = 4$	R05, R12, R32	R38	R33	R39	-	-	87,0	90,6
$K = 5$	R05, R32	R12	R38	R33	R39	-	78,3	88,9
$K = 6$	R05	R12	R32	R38	R33	R39	72,1	83,8

Subsequently, group assignments were performed for the different cluster configurations described above. For $K = 2$, population Grm was assigned to the cluster corresponding to the interior variety, whereas all other stands were classified as coastal Douglas fir. For $K = 3$, population Grm was assigned to the reference population R33 (Montana, USA) whereas all other stands are still identified as coastal. For $K = 4$, an additional cluster appears which includes R38 (coastal from the northernmost part of the distribution in British Columbia, Canada), but no Swiss population is assigned to this cluster (Table 4). For $K = 5$, a new cluster appeared within the coastal variety (R12, Cascades Washington, USA), but no Swiss stand was assigned to this provenance with all other assignments being the same as for $K = 4$. Finally, for $K = 6$ there was some differentiation within the

costal variety: Sca was assigned to R05 (Oregon, USA), Grm remained assigned to R33 (Montana, USA) while all other stands showed affinity to R32 (Southern Vancouver Island, British Columbia, Canada).

The fact that GeneClass2 assigned scores of 100% in all cases should not be overinterpreted as these scores do not reflect probabilities or proportions of membership as is the case in STRUCTURE. Furthermore, their calculation ignores the probability of a certain genotype (Fewster 2017). Moreover, given a decreasing method accuracy, the uncertainty of the assignment grows with increasing K-values (Table 2). Therefore, the fact that Sca, for instance, was assigned to R05 is seen rather as an indication of a different genetic identity and probably a more southern origin than the remaining Swiss populations and should not interpreted as assignment to R05 by a membership or probability of 100%. The assignment scores at the individual level are presented along with the STRUCTURE results per tree individual in Appendix 3.

Table 3 – Scores of group assignments performed for cluster configurations K = 2, K = 3 and K = 4. The populations used as reference are denoted as column headers under each cluster configuration (Swiss population in rows)

	K = 2		K = 3			K = 4			
	R05, R12, R32, R38	R33, R39	R05, R12, R32	R38	R33, R39	R05, R12, R32	R38	R39	R33
Cai	100	0	100	0	0	100	0	0	0
Ges	100	0	100	0	0	100	0	0	0
Grm	0	100	0	0	100	0	0	0	100
Kun	100	0	100	0	0	100	0	0	0
Rue	100	0	100	0	0	100	0	0	0
Sca	100	0	100	0	0	100	0	0	0
Som	100	0	100	0	0	100	0	0	0
Uet	100	0	100	0	0	100	0	0	0

Table 4 – Scores of group assignments performed for cluster configurations K = 5 and K = 6. The populations used as reference are denoted as column headers under each cluster configuration (Swiss population in rows)

	K = 5					K = 6					
	R05, R32	R12	R38	R39	R33	R05	R12	R32	R38	R39	R33
Cai	100	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0
Ges	100	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0
Grm	0	0	0	0	100	0	0	0	0	0	100
Kun	100	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0
Rue	100	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0
Sca	100	0	0	0	0	100	0	0	0	0	0
Som	100	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0
Uet	100	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0

3.2. Genetic relationships and differentiation among populations

The calculation of pairwise fixation indices (F_{ST}) as a measure of genetic differentiation enables an additional evaluation of the genetic relationships among the populations. The matrix of pairwise F_{ST} values revealed that Grm is the most differentiated from other Swiss populations with F_{ST} -values of at least 0,045. In addition, although the STRUCTURE analysis suggested an affinity to provenance R33 from Montana, USA (interior variety), the genetic differentiation between Grm and R33 is rather high (Table 5). In other words, F_{ST} -calculation confirms that Grm is genetically different from all other Swiss populations, but does not provide further evidence of a narrow relationship with provenance R33. On the other hand, ordination based on a Principal Coordinate Analysis (PCoA) further supports a placement within the interior variety (Figure 4). Therefore, the genetic analysis supports an affinity to the interior variety, but do not allow a more exact assignment to a specific origin. Grm is genetically closer to R33 than to R39, but it is still genetically distinct from R33.

Another Swiss stand, Sca, is somewhat differentiated to other Swiss stands. The pairwise F_{ST} -indices between this stand and other Swiss stands varies between 0,024 and 0,036. When leaving Grm and Sca out, all other Swiss stands are genetically relatively similar with F_{ST} -values not exceeding 0,022 (Table 5). In comparison with the native provenances, Sca is somewhat closer to R05 which is the southernmost native population. In terms of pairwise F_{ST} , R05 and R32 are, on average, closer to the Swiss populations than to R12 (Table 5, Figure 5). A neighbour-joining tree constructed based upon the pairwise F_{ST} s further confirms the patterns of genetic differentiation discussed above (Figure 6).

Table 5 – Matrix of pairwise F_{ST} -values as measures of genetic differentiation with conditional formatting (increasingly dark red with increasing F_{ST} -value)

	Cai	Ges	Grm	Kun	Rue	Sca	Som	Uet	R05	R12	R32	R33	R38	R39
Cai	0,000													
Ges	0,018	0,000												
Grm	0,046	0,045	0,000											
Kun	0,018	0,020	0,045	0,000										
Rue	0,016	0,020	0,045	0,019	0,000									
Sca	0,027	0,030	0,050	0,030	0,026	0,000								
Som	0,016	0,022	0,050	0,020	0,019	0,027	0,000							
Uet	0,014	0,017	0,044	0,016	0,016	0,024	0,017	0,000						
R05	0,022	0,024	0,046	0,023	0,024	0,031	0,026	0,021	0,000					
R12	0,033	0,030	0,049	0,030	0,029	0,036	0,038	0,028	0,030	0,000				
R32	0,021	0,025	0,055	0,022	0,021	0,036	0,024	0,023	0,030	0,035	0,000			
R33	0,059	0,058	0,063	0,063	0,058	0,067	0,066	0,059	0,061	0,065	0,065	0,000		
R38	0,044	0,046	0,072	0,047	0,038	0,052	0,044	0,045	0,047	0,052	0,040	0,082	0,000	
R39	0,066	0,064	0,069	0,071	0,063	0,075	0,074	0,065	0,058	0,061	0,070	0,074	0,082	0,000

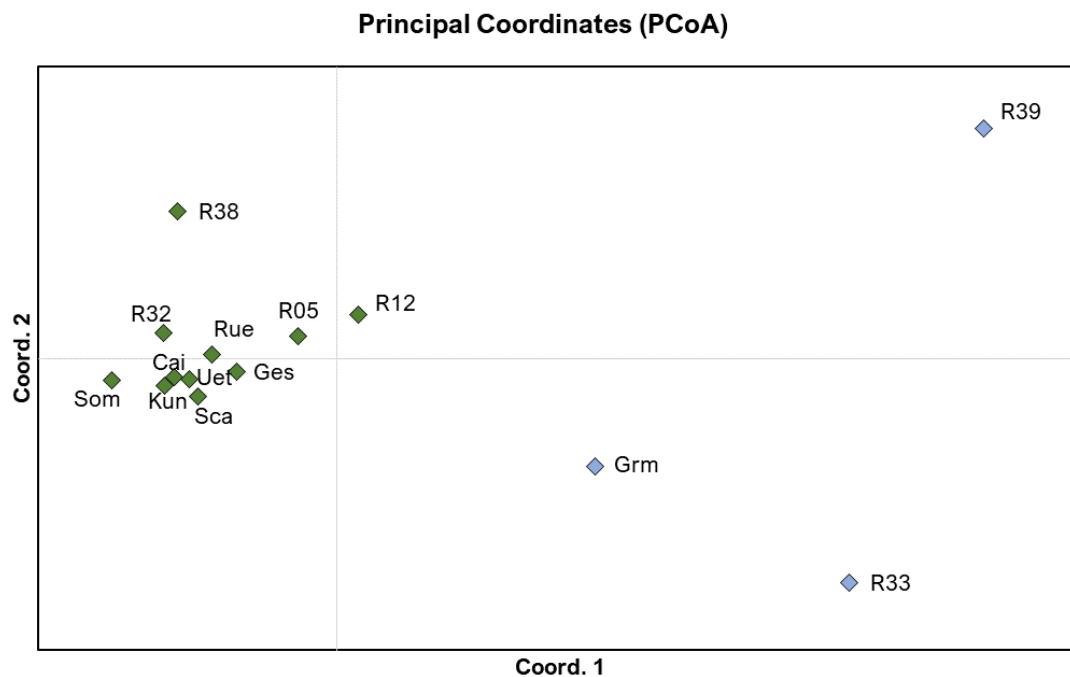


Figure 4 – Plot of the first two synthetic variables (coordinates) of a principal coordinate analysis (PCoA) based on pairwise F_{ST} s among all populations (Swiss and native). Different colours are used to depict the two varieties (green for coastal, blue for interior) as these were identified by the STRUCTURE analysis.

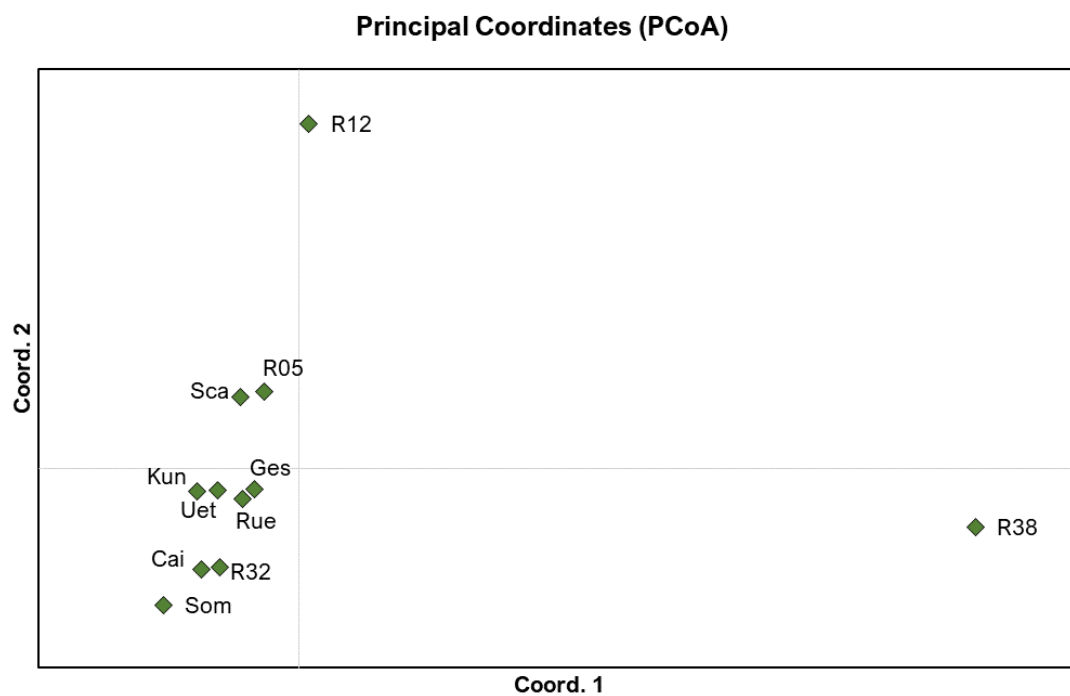


Figure 5 – Plot of the first two synthetic variables (coordinates) of a principal coordinate analysis (PCoA) based on pairwise F_{ST} s among all populations identified genetically as coastal Douglas fir.

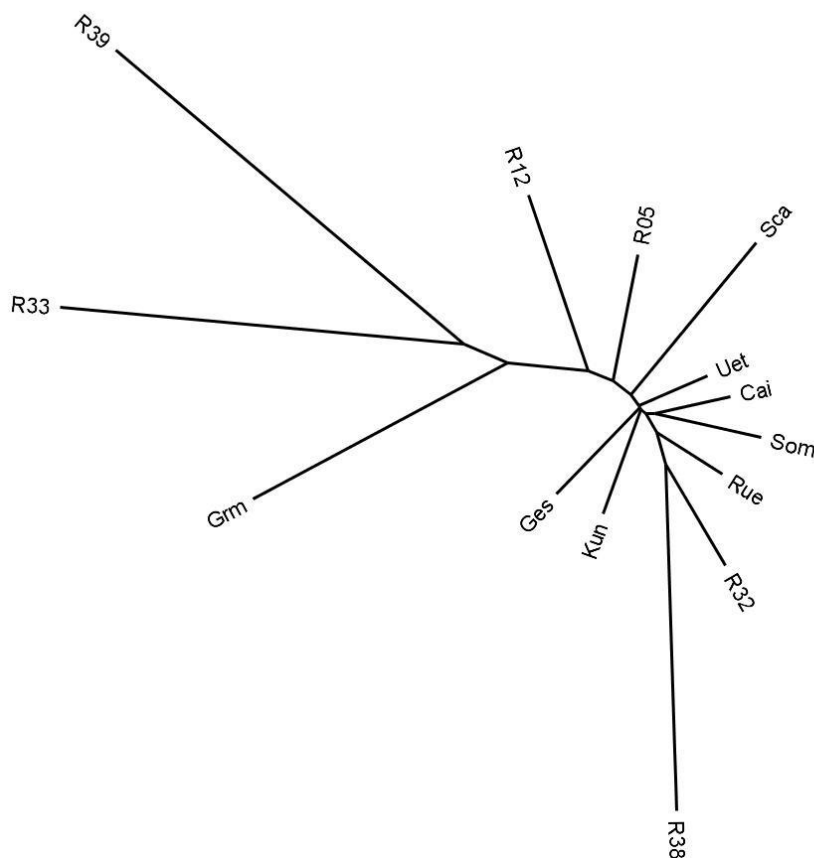


Figure 6 – Neighbour-joining tree based on pairwise F_{ST} -values among all populations included in the study

3.3. Genetic diversity

Comparatively high levels of genetic diversity were found for all Swiss populations. For those populations identified as coastal Douglas fir, the genetic diversity is high compared to the native range. Assuming an origin from the core area of the range between southern British Columbia in Canada and northern Oregon in the USA (which is suggested by both STRUCTURE and GeneClass2 analyses), values are comparable to the respective native populations R05, R12 and R32 or even higher (Table 6). Somewhat lower values could be observed for population Sca, whose origin might also differ from other Swiss stands assigned to the coastal variety. Even in this case, the diversity measures are within the standard error of all native coastal samples (R05, R12, R32 and R38, see Table 6 and Figure 7). The Swiss population Grm, which was assigned to the interior variety, also showed higher genetic diversity (although not significantly) than both native origins belonging to this variety (R33 and R39) and lower diversity than all Swiss stands assigned to the coastal variety. In the native range, genetic diversity is highest in the core of the range and reduced towards the periphery (Hintsteiner et al. 2018, Neophytou et al. 2020). This is reflected in the values found for the peripheral native stands R38 and R39. The high values found here are also in line with the hypothesis of origins that are rather from the centre than from the edge of the range.

Table 6 – Average and standard error of genetic diversity measures. N_a = mean number of alleles per locus, N_e = effective number of alleles (highest when all alleles are equally frequent), R_{18} = allelic richness after rarefaction in order to account for sample size differences (rarefaction size = 18 genes or 9 individuals = the minimum number of genotyped loci for an individual), H_o = observed heterozygosity, H_e = expected heterozygosity under Hardy-Weinberg Equilibrium, F = fixation index.

Pop	N_a	N_e	R_{18}	H_o	H_e	F
Cai	16,23 ± 1,29	10,67 ± 1,06	10,85 ± 0,66	0,717 ± 0,046	0,885 ± 0,019	0,192 ± 0,048
Ges	15,15 ± 1,31	10,64 ± 1,06	10,55 ± 0,73	0,706 ± 0,042	0,887 ± 0,018	0,204 ± 0,045
Grm	13,62 ± 1,55	9,44 ± 1,33	9,82 ± 0,78	0,529 ± 0,072	0,860 ± 0,022	0,393 ± 0,077
Kun	15,92 ± 1,51	10,53 ± 1,21	10,54 ± 0,77	0,706 ± 0,051	0,879 ± 0,025	0,204 ± 0,051
Rue	15,31 ± 1,16	10,81 ± 1,08	10,87 ± 0,65	0,682 ± 0,053	0,892 ± 0,014	0,237 ± 0,057
Sca	13,54 ± 1,07	8,26 ± 0,85	9,37 ± 0,61	0,705 ± 0,057	0,860 ± 0,016	0,184 ± 0,064
Som	15,69 ± 1,18	9,31 ± 0,96	10,20 ± 0,63	0,717 ± 0,047	0,868 ± 0,022	0,173 ± 0,049
Uet	15,92 ± 1,25	10,64 ± 1,15	10,63 ± 0,64	0,720 ± 0,043	0,890 ± 0,015	0,194 ± 0,043
R05	15,77 ± 1,18	10,28 ± 1,11	10,68 ± 0,69	0,697 ± 0,059	0,878 ± 0,021	0,210 ± 0,063
R12	13,85 ± 1,04	8,62 ± 0,84	9,71 ± 0,59	0,682 ± 0,041	0,867 ± 0,015	0,217 ± 0,040
R32	13,62 ± 1,01	8,42 ± 0,79	9,62 ± 0,58	0,682 ± 0,037	0,863 ± 0,019	0,210 ± 0,039
R33	12,92 ± 1,69	8,94 ± 1,44	9,62 ± 0,95	0,455 ± 0,079	0,829 ± 0,037	0,469 ± 0,082
R38	10,62 ± 0,85	5,89 ± 0,55	7,71 ± 0,47	0,623 ± 0,075	0,807 ± 0,023	0,228 ± 0,089
R39	10,38 ± 0,85	6,14 ± 0,72	7,86 ± 0,53	0,555 ± 0,065	0,799 ± 0,030	0,298 ± 0,080

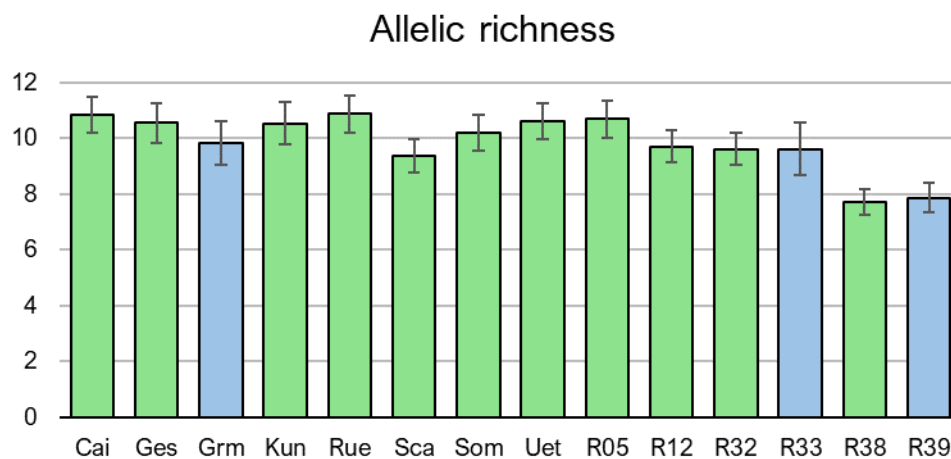


Figure 7 – Bar plot with mean and standard error of allelic richness with a rarefaction size of 18 genes or 9 individuals (R_{18}). Green coloured bars represent populations assigned to the coastal variety in this study, blue is used for the interior variety.

4. Conclusions

In summary, different genetic approaches suggest three genetic clusters among the studied Douglas fir populations from Switzerland:

- i) One cluster including populations Les Cairfatas (Cai), Bois des Gésiaux (Ges), Küngoldingen (Kun), Rüsterwald (Rue), Sommerwies (Som) and Ütliberg (Uet): This group was genetically homogenous. Genetic differentiation among these six population was very low. An origin of these populations from the central part of the native distribution area of the coastal variety is suggested by the analysis. The close affinity to provenance R32 (Mount Benson, Vancouver Island, British Columbia, Canada) suggested by the assignment test for $K = 6$ should be treated with caution. Given the low differentiation in the core of the native range, the accuracy of assignment at the within-region level (i.e. assignment to either R05, R12 or R32) is reduced. All six populations of this group showed high genetic diversity which is characteristic for the core of the range in the case of the coastal variety of Douglas fir.
- ii) One cluster represented by population St. Germanerflüe (Grm): This population is significantly distinct from the remaining Swiss populations. It showed affinity to the interior variety. However, it exhibited relatively high genetic differentiation from the two native reference interior populations (R33, R39) used for the assignment test. This suggests an origin from a region of the interior variety range not included in this analysis. Compared to the native populations of the interior variety, it also shows a relatively high genetic diversity which is characteristic for the northern part of the native range where the most extensive forests occur. A diversity maximum has been observed at the region including southern British Columbia, Canada, northeastern Washington and Northern Idaho, USA, not far from the border between Canada and the USA. Inclusion of more provenances from this region would be necessary to refine the origin for population Grm.
- iii) One cluster represented by population Scaréuro (Sca): While this population is genetically assigned to the coastal variety, it exhibits a distinct gene pool compared to the other Swiss populations and a somewhat lower genetic diversity. No conclusive statement can be done about the origin of this population within the coastal variety. For $K = 6$, it was assigned to R05 (Tercer, Oregon, USA) (Table 4) and PCoA shows also an affinity to R05 (Figure 5), which may suggest a more southern origin. On the other hand, pairwise F_{ST} between Sca and R05 is rather high (Table 5).

Finally, it should be stressed that assignment of an introduced forest stand to an origin in the native range has its limits and may not be always possible or meaningful. First, more than one provenance could have been used for establishing a certain Douglas fir stand in Europe. Second, many stands belong to the second or higher order generations Douglas fir in Europe. In this case, the mother trees may have a different origin than the pollen

donors and a new gene pool may arise from this intermixing. Third, genetic drift may lead to strong shifts in the gene pool of a newly introduced stands. This is particularly the case when seeds used for plantation originate from a limited number of mother trees whose alleles will be overrepresented in the new generation. This can also inflate the genetic differentiation of a stand from others. These effects have to be kept in mind when interpreting genetic analyses aiming to identify the origin of a non-native forest tree.

In conclusion, all applied statistical methods agree on the subdivision of the Swiss Douglas fir into three clusters, with one of them showing an affinity to the interior variety (*P. menziesii* var. *glauca*). An assignment to native provenances at a finer spatial scale is rather uncertain or may even be impossible for the reasons discussed above. Concerning the genetic variation within populations, it can be said that all stands, perhaps with the exception of Sca, are highly diverse compared to the native origins.

5. Acknowledgements

Tissue preparation, DNA-extraction and quantification, PCR, agarose gel electrophoresis and documentation, as well as capillary electrophoresis were carried out by Jakob Ernst and Renata Milčevićova (Institute of Silviculture, BOKU). Their highly qualitative work is greatly acknowledged. I also express my gratitude to Simon Jansen (Institute of Silviculture, BOKU) for many hours of work on allele scoring using fragment length analysis, as well as for critically reviewing this report. DNA extracted in the frame of the project CC-Douglas (van Loo et al. 2015, Hintsteiner et al. 2018, Neophytou et al. 2020) was used to genotype the native populations. The opportunity to use these samples for the purposes of this work is kindly acknowledged.

6. Literature

Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567-1587

Felsenstein, J. (1993). PHYLIP (phylogeny inference package), version 3.5 c. Program distributed by the author, website: <https://evolution.genetics.washington.edu/phylip/getme-new1.html>

Fewster, R. M. (2017). Some applications of genetics in statistical ecology. *AStA Advances in Statistical Analysis*, 101:349-379.

Hintsteiner, W. J., van Loo, M., Neophytou, C., Schueler, S., & Hasenauer, H. (2018) The geographic origin of old Douglas-fir stands growing in Central Europe. *European Journal of Forest Research* 137:447-461

Jakobsson, M., & Rosenberg, N. A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, 23:1801-1806.

- Kopelman, N.M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N.A. (2015) CLUMPAK: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular Ecology Resources* 15:1179-1191
- Matschiner, M., & Salzburger, W. (2009). TANDEM: integrating automated allele binning into genetics and genomics workflows. *Bioinformatics*, 25:1982-1983
- Neophytou, C., van Loo, M., Hasenauer, H. (2019) Genetic diversity in introduced Douglas-fir and its natural regeneration in Europe. *Forestry* 93:535–544
- Peakall, R.O., Smouse, P.E. (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Resources* 6:288–295
- Peakall R, Smouse PE (2012) GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. *Bioinformatics* 28:2537–2539
- Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A (2004) GeneClass2: a software for genetic assignment and first generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95:536–539
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959
- Rambaut, A. (2017). FigTree-version 1.4. 3, a graphical viewer of phylogenetic trees. Computer program distributed by the author, website: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>.
- Slavov, G. T., Howe, G. T., Yakovlev, I., Edwards, K. J., Krutovskii, K. V., Tuskan, G. A., ... & Adams, W. T. (2004) Highly variable SSR markers in Douglas-fir: Mendelian inheritance and map locations. *Theoretical and Applied Genetics* 108:873-880
- Szpiech, Z.A., Jakobsson, M. and Rosenberg, N.A. (2008) ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics* 24, 2498–2504.
- van Loo, M., Hintsteiner, W., Pötzelsberger, E., Schüller, S., & Hasenauer, H. (2015). Intervarietal and intravarietal genetic structure in Douglas-fir: nuclear SSR s bring novel insights into past population demographic processes, phylogeography, and intervarietal hybridization. *Ecology and Evolution* 5:1802-1817.

Appendix 1 – DNA-extraction and quantification

Tissue samples (cambium) were shipped to the molecular genetics laboratory of the Institute of Silviculture in September 2021. Subsequently, DNA extraction was carried out using a commercial kit (Qiagen DNEasy plant mini kit). Isolation success was tested by a 1% agarose gel electrophoresis and DNA quantity and quality were measured using a spectrophotometer (NanoPhotometer®, Firma: Implen). The extracted DNA is stored at the molecular genetic laboratory of the Institute of Silviculture (BOKU).

The type and weight of the sample tissue used for extraction, the concentration of the extracted DNA in ng/μl, as well as the “260/280 ratio” (OD 260/280; i.e. the ratio of absorbance at a wave length (λ) equal to 260 nm divided by the absorbance at λ = 280 nm) are presented in the following table. The concentrations are generally high and adequate for PCR. The DNA quality is also generally good, as the 260/280 ratio is between 1,7 and 1,8 in most cases. It is expected that the extracted DNA is suitable for PCR.

DNA extraction had to be repeated for three samples due to low DNA concentrations.

Photographic documentation of the agarose gels carried out to control DNA extraction success. Please note that the “running number” of the sample from the table is used for sample identification on the gel.

Table A1.1 – Tissue weight, DNA concentration and ratio of absorbance at a wave length (λ) equal to 260 nm divided by the absorbance at λ = 280 nm

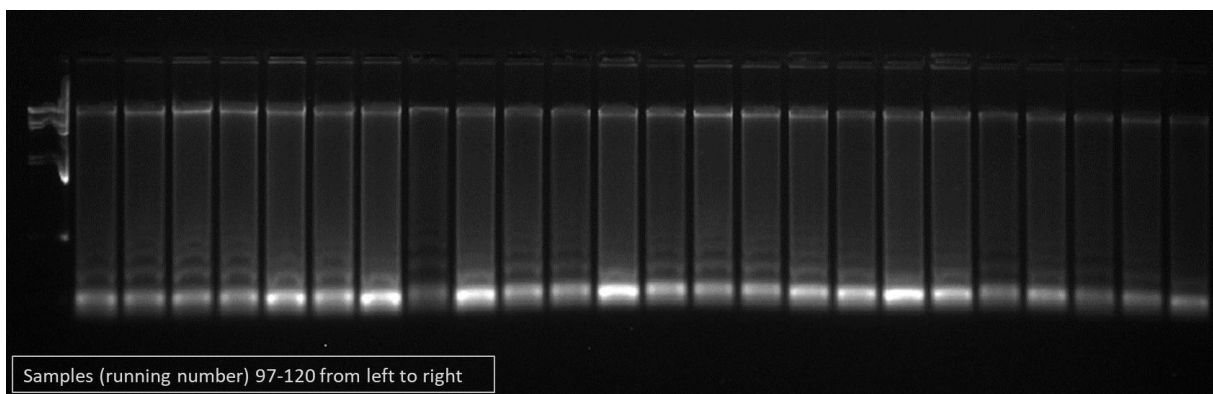
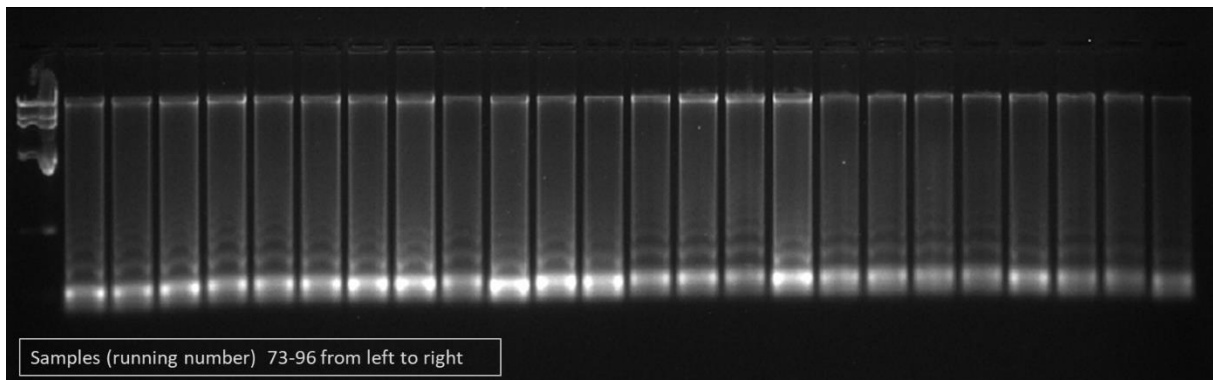
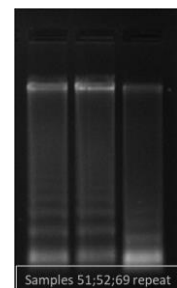
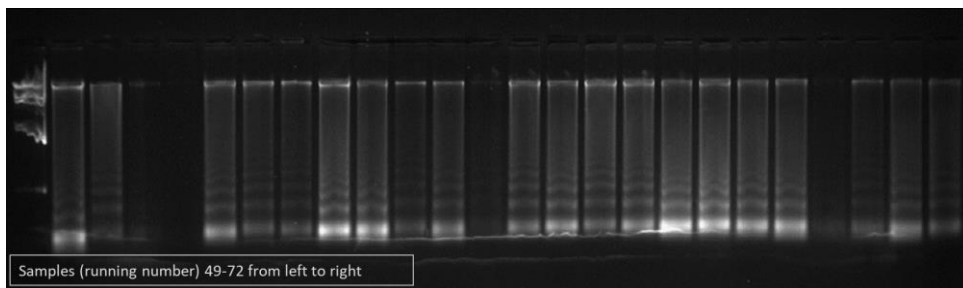
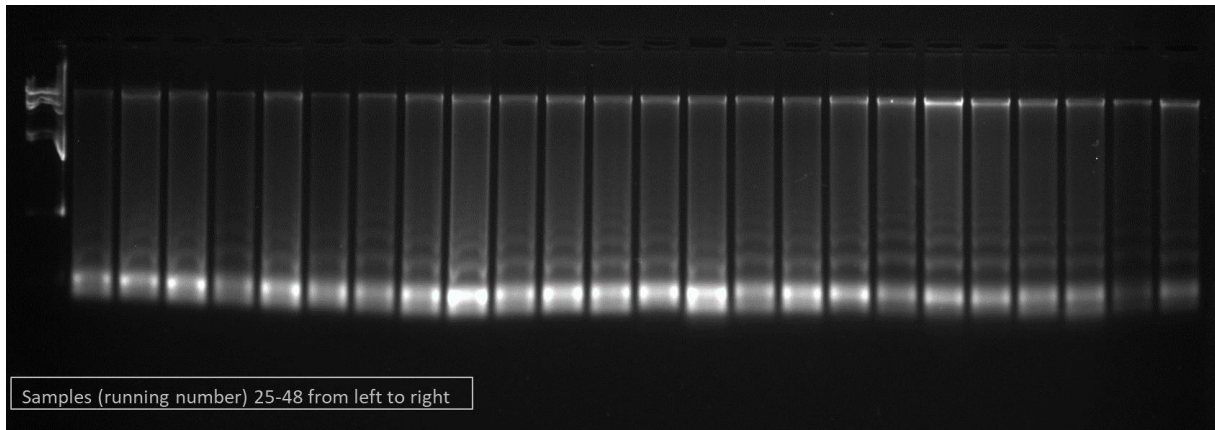
Running No.	Tree_ID	Tissue	Weight	Concentration ng/μl	OD 260/280
1	CaiP01	Cambium	20,1	22,6	1,760
2	CaiP02	Cambium	20	18,5	1,762
3	CaiP03	Cambium	20,4	13,5	1,688
4	CaiP04	Cambium	20,4	9	1,636
5	CaiP05	Cambium	20	15,5	1,722
6	CaiP06	Cambium	20,5	47,5	1,727
7	CaiP07	Cambium	20	15	1,765
8	CaiP08	Cambium	20	16,5	1,650
9	CaiP09	Cambium	20,2	16	1,684
10	CaiP10	Cambium	20,2	16,5	1,833
11	CaiP11	Cambium	20,1	37,5	1,786
12	CaiP12	Cambium	20,4	43,5	1,776
13	CaiP13	Cambium	20,1	27	1,862
14	CaiP14	Cambium	20,5	34,5	1,725
15	CaiP15	Cambium	20,1	29	1,758
16	CaiP16	Cambium	20,3	165	1,579
17	CaiP17	Cambium	20,2	36,5	1,698
18	CaiP18	Cambium	19,9	39	1,814
19	CaiP19	Cambium	20,4	64,5	1,697
20	CaiP20	Cambium	20,5	50,5	1,712
21	GesP01	Cambium	20	29,5	1,844
22	GesP02	Cambium	20	33,5	1,763

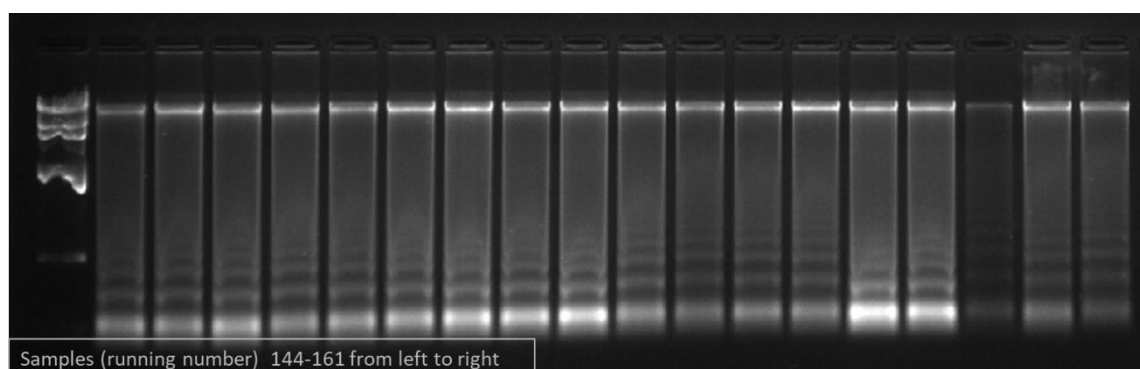
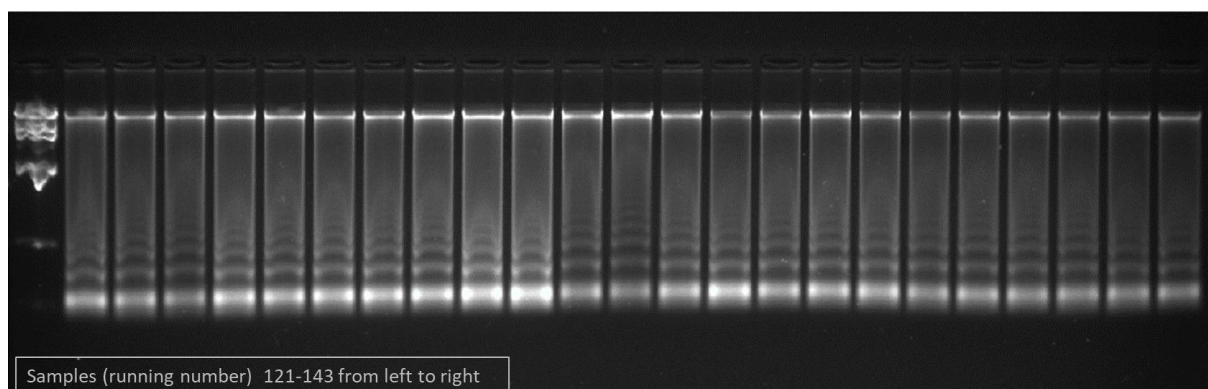
Running No.	Tree ID	Tissue	Weight	Concentration ng/μl	OD 260/280
23	GesP03	Cambium	20,1	31,5	1,800
24	GesP04	Cambium	20,1	27	1,742
25	GesP05	Cambium	20,3	31	1,722
26	GesP06	Cambium	20	39	1,786
27	GesP07	Cambium	20,1	48	1,680
28	GesP08	Cambium	20,4	38	1,689
29	GesP09	Cambium	20,2	32	1,684
30	GesP10	Cambium	20,4	17	1,700
31	GesP11	Cambium	20,3	36,5	1,553
32	GesP12	Cambium	20	32	1,684
33	GesP13	Cambium	19,9	62	1,632
34	GesP14	Cambium	20,3	28	1,750
35	GesP15	Cambium	20,4	34	1,700
36	GesP16	Cambium	20,5	29,5	1,735
37	GesP17	Cambium	20,2	30	1,765
38	GesP18	Cambium	20,3	47	1,741
39	GesP19	Cambium	20,1	29	1,758
40	GesP20	Cambium	20,3	46,5	1,788
41	GrnP01	Cambium	19,9	121	1,681
42	GrnP02	Cambium	20,4	33,5	1,763
43	GrnP03	Cambium	20	38,5	1,750
44	GrnP04	Cambium	20,3	28	1,750
45	GrnP05	Cambium	20,5	26,5	1,767
46	GrnP06	Cambium	20,2	48	1,811
47	GrnP07	Cambium	20,4	12	1,714
48	GrnP08	Cambium	20,5	24,5	1,750
49	GrnP09	Cambium	19,9	40	1,778
50	GrnP10	Cambium	20,2	17,5	1,750
51	GrnP11	Cambium	20,2	33,5	1,718
52	GrnP12	Cambium	20,3	26,5	1,710
53	GrnP13	Cambium	20,3	24,5	1,690
54	GrnP14	Cambium	20	14,5	1,706
55	GrnP15	Cambium	20,1	107	1,638
56	GrnP16	Cambium	20,5	32,5	1,757
57	GrnP17	Cambium	20	41,5	1,729
58	GrnP18	Cambium	20,2	12,5	1,875
59	GrnP19	Cambium	20,3	16	1,778
60	GrnP20	Cambium	20,1	4	1,750
61	KunP01	Cambium	20,3	17,5	1,842
62	KunP02	Cambium	20,2	21	1,826
63	KunP03	Cambium	20,2	19	1,727
64	KunP04	Cambium	20,4	24	1,714
65	KunP05	Cambium	20,5	35,5	1,651
66	KunP06	Cambium	20,4	29	1,611
67	KunP07	Cambium	20,4	45,5	1,625
68	KunP08	Cambium	20,4	27,5	1,774
69	KunP09	Cambium	20,4	30	1,765

Running No.	Tree_ID	Tissue	Weight	Concentration ng/μl	OD 260/280
70	KunP10	Cambium	20,3	33,5	1,914
71	KunP11	Cambium	20,4	26,5	1,767
72	KunP12	Cambium	20	37,5	1,705
73	KunP13	Cambium	20	41,5	1,886
74	KunP14	Cambium	20,4	33,5	1,971
75	KunP15	Cambium	20,1	40,5	1,884
76	KunP16	Cambium	20,3	33	2,000
77	KunP17	Cambium	20	28,5	1,900
78	KunP18	Cambium	20,1	35,5	1,868
79	KunP19	Cambium	20,2	39,5	1,745
80	KunP20	Cambium	20	52,5	1,750
81	RueP01	Cambium	20	28,5	1,839
82	RueP02	Cambium	20,5	43,5	1,813
83	RueP03	Cambium	20	38,5	1,791
84	RueP04	Cambium	20,5	46,5	1,691
85	RueP05	Cambium	19,9	26	1,857
86	RueP06	Cambium	20,4	33,5	1,861
87	RueP07	Cambium	19,9	32	1,829
88	RueP08	Cambium	20,4	48	1,811
89	RueP09	Cambium	20	36,5	1,780
90	RueP10	Cambium	20,5	46,5	1,722
91	RueP11	Cambium	20,1	48	1,778
92	RueP12	Cambium	20,5	39	1,773
93	RueP13	Cambium	20,1	29,5	1,788
94	RueP14	Cambium	20,1	27,5	1,833
95	RueP15	Cambium	20,3	26	1,857
96	RueP16	Cambium	20,5	26	1,793
97	RueP17	Cambium	20,1	51,5	1,717
98	RueP18	Cambium	20,2	35,5	1,449
99	RueP19	Cambium	20,5	50,5	1,804
100	RueP20	Cambium	20,1	46,5	1,788
101	ScaP01	Cambium	20,5	69,5	1,738
102	ScaP02	Cambium	20	49,0	1,782
103	ScaP03	Cambium	19,9	67,5	1,753
104	ScaP04	Cambium	20	19,0	1,727
105	ScaP05	Cambium	20,4	46,5	1,755
106	ScaP06	Cambium	19,9	33,5	1,811
107	ScaP07	Cambium	20,4	28,5	1,541
108	ScaP08	Cambium	20,3	51,0	1,759
109	ScaP09	Cambium	20,4	35,5	1,775
110	ScaP10	Cambium	20,5	38,5	1,750
111	ScaP11	Cambium	20	36,5	1,780
112	ScaP12	Cambium	20,4	40,5	1,761
113	ScaP13	Cambium	20,4	33,0	1,833
114	ScaP14	Cambium	20,2	61,0	1,794
115	ScaP15	Cambium	20,3	61,0	1,718

Running No.	Tree ID	Tissue	Weight	Concentration ng/μl	OD 260/280
116	ScaP16	Cambium	20,5	26,5	1,767
117	ScaP17	Cambium	20	37,5	1,744
118	ScaP18	Cambium	20,5	30,0	1,538
119	ScaP19	Cambium	20,3	32,5	1,667
120	ScaP20	Cambium	20,5	48,0	1,665
121	SomP01	Cambium	20,2	42,5	1,667
122	SomP02	Cambium	20,4	31,5	1,432
123	SomP03	Cambium	20,1	28,0	1,750
124	SomP04	Cambium	20,5	50,5	1,804
125	SomP05	Cambium	20,5	51,5	1,661
126	SomP06	Cambium	20	35,5	1,732
127	SomP07	Cambium	20,3	34,5	1,769
128	SomP08	Cambium	20,5	37,0	1,805
129	SomP09	Cambium	20,5	48,5	1,830
130	SomP10	Cambium	20,4	45,0	1,800
131	SomP11	Cambium	20,1	28,0	1,750
132	SomP12	Cambium	20,3	39,0	1,660
133	SomP13	Cambium	20,5	29,0	1,812
134	SomP14	Cambium	20,2	37,0	1,682
135	SomP15	Cambium	19,9	29,0	1,758
136	SomP16	Cambium	20,5	31,5	1,800
137	SomP17	Cambium	20,5	30,0	1,818
138	SomP18	Cambium	20	23,0	1,840
139	SomP19	Cambium	19,9	29,0	1,758
140	SomP20	Cambium	20	28,0	1,806
141	SomP21	Cambium	20,3	40,5	1,761
142	UetP01	Cambium	20,4	29,0	1,758
143	UetP02	Cambium	20	33,5	1,811
144	UetP03	Cambium	19,9	38,5	1,711
145	UetP04	Cambium	20,5	43,0	1,792
146	UetP05	Cambium	20,4	51,0	1,759
147	UetP06	Cambium	20,3	46,5	1,755
148	UetP07	Cambium	20,3	33,0	1,784
149	UetP08	Cambium	20,2	40,5	1,761
150	UetP09	Cambium	20,5	46,5	1,788
151	UetP10	Cambium	20,5	37,0	1,805
152	UetP11	Cambium	20,3	41,0	1,822
153	UetP12	Cambium	20,1	35,0	1,750
154	UetP13	Cambium	20,1	21,0	1,750
155	UetP14	Cambium	20,5	35,0	1,795
156	UetP15	Cambium	20,5	29,5	1,788
157	UetP16	Cambium	20,3	47,0	1,808
158	UetP17	Cambium	20	39,0	1,773
159	UetP18	Cambium	20,5	27,0	1,800
160	UetP19	Cambium	20,2	43,0	1,830
161	UetP20	Cambium	20	21,0	1,680

Agarose gel documentation of DNA extraction (below)





Appendix 2 – Genotype lists

In this appendix, the unrounded fragment lengths measured by capillary electrophoresis, the scored alleles resulting from binning with Tandem, as well as the fixpoints used in Tandem are presented.

Table A2.1 – Unrounded fragment length sizes at loci 1C2, 1F9, 2C2, 2D4, 2D6, 2D9 and 2G12

ID	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
CaiP01	186,11	232,29	243,11	270,44	161,32	172,85	121,27	127,65	232,29	245,35	130,21	180,39	256,57	260,45
CaiP02	0	0	233,57	276,29	153,95	170,7	0	0	181,03	188,91	164,24	164,24	258,5	270,19
CaiP03	0	0	223,72	251,03	153,95	155,84	146,68	159,35	210,02	210,02	128,18	128,18	248,91	254,88
CaiP04	0	0	227,7	248,94	170,76	190,11	125,47	125,47	237,37	237,37	130,67	164,24	256,63	275,98
CaiP05	168,03	187,97	212,15	250,96	147,63	168,81	152,62	152,62	168,31	188,24	130,28	130,28	260,41	264,22
CaiP06	201,45	201,45	248,99	291,13	159,39	161,33	148,21	148,21	216,71	242,48	130,39	130,39	252,75	262,32
CaiP07	200,36	200,36	223,78	251,42	145,27	153,86	176,74	176,74	217,69	232,34	130,25	138,71	248,88	260,47
CaiP08	188,43	200,72	223,8	235,45	147,63	166,88	0	0	173,58	211,51	132,52	132,52	264,29	266,17
CaiP09	0	0	239,28	239,28	146,67	157,26	139,42	139,42	202,89	213,84	130	132,02	252,77	264,29
CaiP10	167,93	184,29	264,64	264,64	160,57	172,44	126,84	126,84	168,21	236,97	128,08	130,2	264,4	270,14
CaiP11	0	0	250,94	266,57	153,23	168,44	125,86	174,27	173,65	225,44	128,36	130,18	260,49	266,17
CaiP12	0	0	249,06	249,06	158,79	158,79	134,81	148,22	163,83	163,83	128,18	130,29	248,83	264,23
CaiP13	187,9	234,78	208,03	268,55	153,32	155,25	154,64	154,64	181,29	219,82	130,26	165,41	258,54	271,98
CaiP14	187,85	223,23	247,49	284,07	153,24	195,5	125,88	178,6	220,4	220,4	160,19	177,21	260,47	264,25
CaiP15	187,38	210,95	202,44	214,12	153,3	157,2	174,08	178,99	210,95	210,95	126,22	130,16	256,53	258,34
CaiP16	199,37	199,37	248,95	256,74	153,27	170,34	130,97	130,97	168,96	211,94	130,1	130,1	264,25	266,22
CaiP17	174	178,25	237,33	250,89	155,25	199,19	126,84	155,6	181,2	225,26	128,09	176,21	260,51	264,29
CaiP18	183,64	183,64	247,05	247,05	153,33	174,4	154,01	180,96	184,01	184,01	128,27	130,3	260,47	262,27
CaiP19	0	0	200,45	206,06	168,32	195,44	168,5	183,05	187,38	192,15	160,09	179,52	231,36	271,96
CaiP20	0	0	246,87	248,95	146,68	158,79	135,1	152,43	206,31	225,43	130	162,24	258,33	262,29
GesP01	185,91	238,41	218,13	243,27	153,21	168,41	125,44	159,54	176,49	176,49	128,25	181,57	262,47	273,94
GesP02	220,61	220,61	199,45	261,14	160,85	168,29	137,43	167,14	178,57	219,88	128,24	132,32	256,65	277,75
GesP03	184,39	210,98	262,66	262,66	155,31	160,75	0	0	210,98	221,97	130,07	138,61	270,08	273,88
GesP04	0	0	237,38	237,38	155,31	197,37	123,2	164,58	225,16	225,16	128,37	177,11	270,06	271,95
GesP05	189,91	189,91	253,32	253,32	153,32	153,32	135,02	135,02	190,19	253,88	130,1	132,12	275,95	299
GesP06	193,28	203,83	247,16	252,63	153,23	168,3	152,92	152,92	168,96	206,3	128,12	128,12	273,94	277,83
GesP07	200,09	200,09	202,35	264,61	158,79	168,33	154,74	178,56	223,5	250,33	128,03	128,03	262,43	275,84
GesP08	0	0	210,17	250,98	155,3	170,81	134,92	134,92	0	0	130,28	136,47	268,12	277,74
GesP09	168,14	180,19	247,07	272,45	153,13	162,81	156,6	174,41	176,59	221,45	132,5	136,57	252,69	254,67
GesP10	203,74	203,74	204,51	208,13	153,13	168,3	152,45	152,45	176,65	207,76	128,07	128,07	264,25	264,25
GesP11	0	0	198,55	260,75	146,65	157,2	124,56	151,08	189	229,27	130,27	191,46	260,46	262,45
GesP12	193,54	219,67	227,72	249,04	153,3	160,75	123,29	194,22	219,58	219,58	132,01	191,17	252,66	271,97
GesP13	193,52	193,52	254,85	254,85	153,3	199,27	123,33	148,13	223,44	252,22	162,25	191,14	248,95	252,74
GesP14	192,17	192,17	212,08	231,73	170,28	170,28	141,35	141,35	163,97	163,97	181,4	192,91	262,29	262,29
GesP15	0	0	237,45	237,45	153,1	158,7	0	0	225,08	225,08	130,25	130,25	254,58	271,96
GesP16	0	0	225,79	249,02	153,2	168,3	123,22	160,93	0	0	130,19	130,19	260,45	266,21
GesP17	170,01	170,01	231,74	272,35	166,37	170,85	121,21	169,09	214,15	219,86	138,61	165,15	256,63	268,08
GesP18	188,37	235,52	208,47	270,57	157,17	160,76	160,94	178,59	176,65	211,58	128,07	191,45	258,56	268,12
GesP19	0	0	198,46	248,93	153,3	160,75	0	0	188,45	188,45	162,16	181,34	260,55	260,55

ID	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
GesP20	179,79	179,79	245,17	249,02	153,23	170,36	135,05	137,07	228,89	228,89	130	132,21	268,15	275,82
GrnP01	185,72	197,81	260,77	260,77	164,59	164,59	0	0	0	0	180,1	180,1	214,34	245,24
GrnP02	166,51	196,14	279,84	279,84	151,08	151,08	156,03	156,03	166,89	196,32	202,55	202,55	222,59	237,79
GrnP03	187,89	187,89	258,9	295,71	155,31	155,31	0	0	188,17	188,17	176,99	176,99	250,94	276,2
GrnP04	0	0	229,67	235,45	157,01	160,75	153,58	155,21	156,92	156,92	132,13	216,53	240,97	242,82
GrnP05	169,15	184,16	229,7	279,86	155,11	155,11	138,9	138,9	0	0	168,13	168,13	237,92	258,54
GrnP06	173,91	188,59	229,66	237,49	155,07	156,98	158,21	158,21	174,28	188,96	174,55	218,53	228,11	250,84
GrnP07	205,9	205,9	214,13	214,13	153,3	155,31	158,3	158,3	206,35	206,35	177,45	183,56	225,3	225,3
GrnP08	0	0	212,44	241,33	164,58	164,58	135,02	135,02	176,56	178,96	186	186	276,19	276,19
GrnP09	182,03	189,36	233,57	233,57	150,98	150,98	129,34	129,34	210,05	210,05	212,5	212,5	223,73	223,73
GrnP10	166,5	166,5	319,84	319,84	155,26	155,26	134,87	142,35	189,05	189,05	167,52	167,52	228,32	233,37
GrnP11	166,56	172,15	214,03	214,03	153,3	153,3	129,32	129,32	166,84	172,43	136,56	188,08	223,47	268,29
GrnP12	0	0	274,43	274,43	146,68	146,68	0	0	0	0	180,06	180,06	236,17	241,92
GrnP13	174,17	191,41	260,77	260,77	151,08	151,08	0	0	210,15	210,15	128,08	128,08	239,16	262,42
GrnP14	174,03	203,01	237,42	251,02	151,09	151,09	131,29	131,29	156,51	174,31	181,36	181,36	223,75	242,99
GrnP15	183,83	199,54	264,61	264,61	155,31	155,31	0	0	0	0	177,41	177,41	223,36	260,54
GrnP16	184,66	197,09	245,29	260,86	160,75	164,58	129,23	131,24	0	0	184,11	184,11	237,92	237,92
GrnP17	180,47	199,64	258,84	258,84	150,98	150,98	142,38	142,38	0	0	161,96	166,25	222,69	238,05
GrnP18	171,18	175,47	227,66	227,66	150,99	157,26	0	0	208,28	208,28	156,03	174,19	228,33	238
GrnP19	172,15	190,56	260,79	285,66	153,3	153,3	0	0	172,43	190,93	193,68	193,68	241,8	241,8
GrnP20	0	0	233,54	233,54	153,3	160,75	0	0	0	0	195,56	195,56	226,34	226,34
KunP01	177,51	199,64	250,92	282,21	146,65	180,47	148,34	159,53	192,24	192,24	197,73	197,73	260,51	264,27
KunP02	201,73	214,96	223,81	249,05	153,14	168,38	0	0	176,71	219,71	132,43	138,61	272,08	273,97
KunP03	210,08	210,08	225,76	282,19	160,75	178,19	121,2	162,54	186,51	188,44	132,3	132,3	260,49	260,49
KunP04	196,82	222,84	214,16	214,16	153,3	158,79	141,01	141,01	222,84	222,84	132,04	132,04	258,3	266,21
KunP05	202,26	234,74	208,4	229,55	155,3	174,36	194,74	194,74	177,32	177,32	128,18	178,4	256,54	271,9
KunP06	177,49	199,54	219,83	219,83	146,75	155,26	148,42	160,75	181,41	225,48	130,21	164,06	254,59	258,56
KunP07	0	0	241,64	241,64	153,3	155,31	125,2	154,58	188,38	206,26	130,27	130,27	260,35	268,14
KunP08	0	0	243,3	276,27	155,26	155,26	159,07	159,07	211,1	211,1	130,31	178,37	256,58	258,46
KunP09	188,75	202,62	227,5	227,5	155,21	160,75	136,85	146,12	211,49	211,49	134,25	165,88	260,51	262,5
KunP10	203,01	211,22	198,81	237,47	153,13	168,3	162,64	181,97	189,11	189,11	127,96	166,01	248,86	262,27
KunP11	184,29	184,29	208,15	252,87	153,11	195,3	123,26	155,59	225,31	225,31	141,01	183,74	260,51	262,4
KunP12	187,87	218,06	264,59	264,59	153,3	168,4	132,61	159,81	218,06	244,57	132,04	181,63	264,34	268,2
KunP13	195,29	195,29	198,55	204,52	153,23	166,46	151,08	151,08	181,29	188,91	130,21	191,53	260,35	262,34
KunP14	172,88	185,82	247,14	289,09	146,83	160,76	135,08	152,55	181,36	232,41	130,32	164,06	260,46	262,28
KunP15	196,52	196,52	219,85	270,41	155,21	172,43	169,06	179,82	217,81	226,45	128,22	130,05	281,61	281,61
KunP16	204,69	210,92	202,52	221,91	153,2	160,75	125,98	139,42	168,95	168,95	130,09	132,21	264,34	264,34
KunP17	185,63	234,78	270,49	284,14	153,3	172,5	135,03	154,68	225,16	225,16	175,17	183,56	262,46	268,26
KunP18	226,92	226,92	251,33	258,73	146,44	170,84	0	0	176,65	189,21	130,22	138,71	260,59	275,89
KunP19	183,51	211,16	202,53	210,5	158,89	160,75	155,69	155,69	176,67	217,79	132,1	132,1	260,53	266,36
KunP20	0	0	250,89	250,89	155,21	160,75	155,59	155,59	173,59	201,08	134,45	136,57	264,34	268,18
RueP01	200,72	200,72	231,62	249,01	153,3	157,29	160,66	160,66	223,46	223,46	130,11	191,53	273,94	273,94
RueP02	0	0	199,54	208,08	153,23	155,26	124,58	137,24	256,02	256,02	180,34	203,37	270,05	273,87
RueP03	0	0	225,72	235,52	155,21	168,8	148,33	162,62	0	0	130,07	181,43	248,9	268,08
RueP04	226,31	226,31	0	0	160,75	195,45	135,03	155,59	229,21	247,7	130,12	130,12	264,19	275,84
RueP05	185,81	185,81	208,12	256,79	153,2	153,2	126,94	155,25	186,09	186,09	130,11	132,51	271,92	277,75
RueP06	177,49	177,49	208,07	208,07	153,23	155,26	138,9	138,9	254,14	254,14	130,12	178,26	262,41	270
RueP07	165,43	193,23	252,97	262,52	155,12	155,12	119,22	146,57	213,97	213,97	138,61	179,08	248,94	248,94

ID	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
RueP08	0	0	248,99	260,4	146,75	146,75	162,33	182,69	181,31	219,86	128,1	128,1	258,52	260,52
RueP09	0	0	252,87	270,4	155,3	160,66	160,66	170,19	0	0	184,35	191,51	260,42	260,42
RueP10	0	0	243,56	250,95	146,65	158,78	146,01	156,79	0	0	132,45	132,45	258,56	266,15
RueP11	197,26	197,26	210,24	251,03	146,75	153,3	134,99	134,99	221,61	229,25	130,29	191,76	262,32	269,97
RueP12	0	0	199,64	235,35	170,46	172,47	123,38	145,98	171,56	171,56	162,32	181,65	248,9	260,41
RueP13	188,13	235,02	206,47	270,41	153,18	172,38	176,01	176,01	214,88	214,88	136,76	165,73	266,22	268,13
RueP14	0	0	198,75	214,1	0	0	156,91	156,91	0	0	128,29	130,28	262,35	266,24
RueP15	0	0	227,65	247,14	146,4	160,74	156,82	176,84	210,04	217,6	130,38	130,38	260,57	268,15
RueP16	187,89	210,06	204,6	239,31	153,11	153,11	162,52	162,52	183,1	183,1	130,32	162,15	260,44	266,15
RueP17	178,14	187,54	206,35	225,7	153,24	170,27	124,48	155,55	178,51	187,91	130,02	130,02	260,57	266,15
RueP18	0	0	207,33	262,74	146,57	155,16	125,91	157,01	236,93	236,93	136,46	136,46	248,85	260,41
RueP19	181,34	191,71	210,19	272,44	158,87	162,72	184,7	184,7	181,34	181,34	132,44	185,53	248,84	264,25
RueP20	0	0	198,73	208,21	166,37	168,05	148,55	148,55	209,53	244,45	130,09	130,09	258,48	262,38
ScaP01	0	0	204,27	235,4	154,92	170,6	156,35	158,98	188,28	210,43	130,2	174,49	270,05	275,83
ScaP02	190,32	190,32	221,93	239,28	153,01	154,93	123,31	123,31	210,46	210,46	134,42	191,11	260,57	266,13
ScaP03	197,63	205,54	221,99	249,04	153,03	160,75	156,44	163,18	192,24	196,9	128,17	185,21	258,61	272,05
ScaP04	186,36	186,36	200,72	204,42	155,07	195,44	155,59	164,86	186,63	186,63	128,18	184,38	260,44	264,17
ScaP05	181,54	227,21	200,73	204,54	168,22	170,76	166,87	166,87	225,37	236,94	130,31	130,31	260,48	262,31
ScaP06	187,76	187,76	200,72	204,3	153,04	154,97	137,26	164,84	176,71	176,71	184,3	189,36	260,57	273,85
ScaP07	187,67	224	239,29	239,29	153,3	199,27	123,14	137,24	188,32	225,36	164,12	189,4	275,88	285,7
ScaP08	181,7	181,7	251,33	251,33	153,04	155,07	134,93	134,93	156,41	182,07	130,26	185,17	260,46	262,37
ScaP09	181,58	223,5	204,54	239,33	154,88	170,5	166,87	177,24	206,15	210,46	138,6	189,3	258,46	260,48
ScaP10	190,32	197,7	204,62	235,46	146,62	153,02	124,58	124,58	176,58	176,58	130,05	130,05	260,44	260,44
ScaP11	197,62	202,91	210,47	249,42	154,97	168,18	155,59	174,8	206,36	206,36	129,98	138,61	253,92	273,83
ScaP12	181,69	223,49	199,54	233,49	153,04	193,5	123,16	134,92	210,37	210,37	130,26	161,97	258,62	260,53
ScaP13	187,65	187,65	204,36	221,99	154,97	193,51	123,25	163,1	225,41	225,41	130,31	182,19	258,46	260,48
ScaP14	181,64	223,48	204,33	204,33	152,94	166,22	156,25	161,12	225,49	225,49	130,18	188,04	260,44	266,1
ScaP15	169,12	169,12	202,61	214,25	154,97	193,5	152,43	168,68	169,02	169,02	178,71	178,71	264,31	264,31
ScaP16	187,89	190,1	237,36	270,07	155,07	158,97	150,29	162,43	188,17	190,38	181,62	206,52	239,73	252,53
ScaP17	187,68	187,68	239,33	262,64	152,97	155,02	123,26	139,86	198,71	225,52	130,18	191,03	268,11	273,89
ScaP18	197,62	227,66	256,87	262,7	153,04	156,98	163,18	163,18	0	0	162,35	191,09	248,89	264,2
ScaP19	220,74	220,74	200,81	222,05	153,04	168,28	121,26	137,25	190,28	236,96	130,3	191,17	262,29	266,2
ScaP20	0	0	200,72	204,34	155,12	193,55	156,58	164,75	176,58	176,58	134,43	174,54	260,55	260,55
SomP01	187,24	187,24	206,46	266,6	152,94	168,06	135,58	152,34	206,43	220,03	130,28	160,38	258,33	262,28
SomP02	0	0	200,54	225,69	160,76	170,63	135,01	148,03	183,41	192,38	134,62	173,02	210,63	268,09
SomP03	210,9	210,9	248,95	258,76	170,24	172,21	123,28	150,49	216,17	233,1	132,48	136,56	260,33	269,98
SomP04	194,8	201,64	225,65	250,95	153,13	170,32	152,33	160,56	226,93	236,87	130,1	130,1	266,2	268,12
SomP05	0	0	210,18	210,18	153,04	180,36	156,79	160,66	217,81	221,57	138,61	181,07	248,68	248,68
SomP06	0	0	227,66	235,39	160,38	160,38	135,01	137,15	168,83	212,03	129,86	129,86	260,41	267,98
SomP07	218,53	218,53	212,29	239,39	153,04	191,6	135,03	137,35	191,41	191,41	130,1	132,12	270,06	270,06
SomP08	183,92	224,04	247,06	268,52	153,04	155,07	138,9	164,96	176,59	181,32	130,29	183,64	260,52	260,52
SomP09	197,87	197,87	247,13	286,2	158,5	195,45	138,9	152,55	208,26	208,26	130,34	172,94	266,17	275,74
SomP10	193,76	227	206,32	247,13	158,78	174,1	135,11	148,24	170,91	170,91	130,35	131,99	256,54	275,82
SomP11	189,43	222,47	247,04	250,95	193,48	193,48	125,33	178,55	219,65	219,65	128,25	130,08	260,5	277,72
SomP12	230,74	230,74	196,73	198,73	160,75	162,73	121,21	132,81	210,99	210,99	185,39	190,98	254,59	258,42
SomP13	191,47	191,47	250,93	264,65	146,37	160,66	156,92	160,66	191,75	261,91	130,09	197,14	252,65	266,17
SomP14	185,73	203,01	251,32	251,32	153,13	155,16	132,83	186,08	171,76	171,76	129,96	191,46	258,18	270,06
SomP15	0	0	225,68	229,57	160,47	160,47	125,94	152,53	229,21	229,21	167,5	212,67	253,92	275,89

ID	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
SomP16	210,91	210,91	235,43	247,04	153,04	160,66	121,29	121,29	211,46	211,46	130	130	254,57	260,31
SomP17	172,66	172,66	250,93	260,53	146,3	146,3	121,25	121,25	176,61	211,55	0	0	266,2	275,76
SomP18	0	0	256,84	268,56	152,94	152,94	134,93	165,01	176,8	211,59	189,58	189,58	258,47	260,48
SomP19	182,25	182,25	202,56	210,25	155,16	193,59	123,23	125,47	194,14	194,14	128,09	132,31	256,58	258,58
SomP20	182,34	199,54	196,74	250,95	146,43	160,75	121,1	157,01	261,82	261,82	130,29	130,29	254,59	266,17
SomP21	191,49	191,49	198,63	264,65	146,41	160,66	132,76	156,98	211,09	211,09	130,18	185,27	254,6	266,28
UetP01	200,73	200,73	233,52	235,43	156,92	158,61	174,27	174,27	211,57	238,93	132,08	180,4	260,39	260,39
UetP02	195,32	225,82	252,95	274,33	153,01	155,02	125,84	174,12	208,27	214,54	171,42	171,42	260,42	266,26
UetP03	163,66	182,03	202,62	208,49	153,11	162,72	132,62	132,62	183,23	225,36	128,28	130,29	260,33	260,33
UetP04	177,36	191,56	225,74	233,49	156,98	168,14	121,2	152,36	226,4	226,4	132,03	132,03	277,78	277,78
UetP05	210,85	232,75	208,15	208,15	146,43	199,27	148,76	152,53	181,41	211,58	131,99	191,45	262,32	262,32
UetP06	0	0	190,98	270,41	162,73	170,22	123,27	132,9	209,72	217,72	132,41	165,26	260,31	262,32
UetP07	183,59	190,31	206,22	250,93	168,45	174,42	125,93	125,93	206,26	206,26	156,12	191,71	254,75	262,32
UetP08	187,37	200,27	200,73	200,73	154,88	168,05	152,53	152,53	209,99	209,99	179,76	191,49	258,48	264,18
UetP09	190,41	190,41	214,21	241,33	146,76	199,26	156,91	164,68	188,84	190,69	129,96	179,52	260,32	268,08
UetP10	201,91	201,91	202,53	214,27	153,11	197,34	155,59	155,59	189,06	211,62	128,35	130,27	252,69	268,07
UetP11	188,08	188,08	223,77	266,61	146,54	155,12	166,81	178,77	234,98	236,89	130,26	184,43	260,4	269,97
UetP12	210,8	210,8	249,06	254,9	156,98	160,66	134,6	164,9	168,97	214,83	130,18	138,51	258,5	266,22
UetP13	211,57	211,57	262,7	317,21	153,04	160,75	121,26	132,7	225,43	225,43	130,18	130,18	258,45	264,3
UetP14	184,29	199,82	208,21	223,84	146,44	170,29	121,2	128,78	225,18	225,18	136,27	182,87	258,31	279,72
UetP15	201	201	202,71	239,69	155,21	197,35	146,57	166,91	211,44	238,53	132,11	193,52	262,28	273,86
UetP16	177,46	177,46	243,16	298,9	153,14	193,51	124,58	164,97	173,61	206,31	138,61	203,29	266,17	270,12
UetP17	190,53	202,64	206,43	268,52	146,41	168,15	146,54	159,72	215,68	218,05	130,13	183,6	258,57	273,91
UetP18	223,78	223,78	249,47	252,92	153,23	168,36	123,27	123,27	236,87	261,94	130,1	132,02	260,41	277,72
UetP19	218,54	218,54	239,69	245,05	153,23	189,67	121,25	130,44	211,54	211,54	0	0	260,52	268,18
UetP20	182,1	215,39	214,17	250,91	152,94	152,94	160,57	170,61	211,54	211,54	129,91	194,55	262,34	264,18

Table A2.2 – Unrounded fragment length sizes at loci 3B2, 3B9, 3D5, 3F1, 4A7 and 5A8

ID	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
CaiP01	100,88	153,93	130,4	130,4	145,91	145,91	217,06	228,55	268,24	290,97	186,56	188,59
CaiP02	100,98	158,25	192,77	192,77	136,46	140,71	211,11	219,01	273,71	273,71	186,84	200,09
CaiP03	130,43	143,76	173,43	182,5	140,7	142,07	214,85	222,91	268,25	298,59	183,9	186,25
CaiP04	119,02	124,12	0	0	147,4	155,26	168,25	211,33	230,84	277,89	183,89	183,89
CaiP05	122,06	150,58	194,16	226,25	142,74	147,49	211,16	219,27	230,27	284,26	189,14	189,14
CaiP06	118,82	130,45	179,69	211,31	147,36	147,36	216,93	222,92	242,71	295,35	183,85	186,4
CaiP07	148,22	156,07	142,85	186,97	147,18	151,17	224,68	228,48	231,03	231,03	189,05	189,05
CaiP08	107,39	152,69	186,66	196,03	149,48	170,54	216,85	224,98	218,67	286,3	189,08	189,08
CaiP09	127,65	158,7	197,17	197,17	145,49	145,49	216,96	216,96	254,03	301,61	188,77	188,77
CaiP10	130,44	152,89	130,49	190,75	153,4	153,4	216,96	220,87	252,92	276,79	183,81	183,81
CaiP11	150,69	150,69	199,18	199,18	153,23	160	218,74	218,74	252,83	267,71	0	0
CaiP12	136,97	152,89	184,38	197,09	153,2	165,23	193,54	195,36	223,89	274,64	188,23	188,23
CaiP13	127,75	127,75	159,73	182,24	147,39	147,39	226,62	226,62	230,3	230,3	174,78	204,57
CaiP14	134,55	134,55	182,62	196,32	140,28	140,28	207,16	212,78	230,33	254,09	188,37	188,37
CaiP15	113,31	124,05	195,32	195,32	129,87	149,17	222,54	226,53	242,1	260,96	0	0
CaiP16	124,07	139	181,72	188,24	149,69	149,69	220,83	220,83	252,12	285,21	183,94	186,04
CaiP17	123,93	123,93	130,39	194,16	147,49	159,91	203,42	220,54	245,29	252,85	188,83	188,83
CaiP18	111,34	142,07	197,15	197,15	149,16	149,16	230,31	230,31	219,25	231,98	0	0
CaiP19	150,68	152,82	123,68	130,57	151,47	151,47	226,35	232,33	230,37	252,04	186,01	186,01
CaiP20	113,73	139,11	184,38	194	143,27	143,27	210,99	210,99	230,23	274,72	177,85	186,35
GesP01	103,12	111,43	137,05	232,19	147,17	149,69	210,91	220,75	273,4	295,83	189,56	189,56
GesP02	120,8	132,61	167,08	186,8	147,15	149,68	211,16	220,98	223,93	278,03	174,5	174,5
GesP03	136,75	150,68	181,81	193,36	140,82	157,76	228,35	230,43	223,94	289,65	0	0
GesP04	138,03	167,53	185,03	199,09	160	160	215,15	232,68	223,85	274,65	183,98	188,8
GesP05	128,1	150,69	199	199	0	0	214,97	232,5	230,21	230,21	183,89	188,83
GesP06	111,16	136,67	176,77	184,47	149,79	149,79	218,61	230,51	269,88	285,06	183,7	185,81
GesP07	123,96	123,96	132,47	185,03	142,95	161,31	211,22	211,22	231,88	290,18	188,73	188,73
GesP08	113,32	165,03	130,38	196,36	149,27	149,27	224,87	232,54	220,8	285,13	183,94	186,22
GesP09	150,69	162,99	137,05	211,32	140,9	140,9	182,04	234,42	242,25	242,25	183,8	183,8
GesP10	148,45	162,9	190,81	222,38	153,72	153,72	193,91	207,49	281,33	312,57	183,7	183,7
GesP11	103,13	113,25	137,24	191,46	140,82	151,37	211,18	234,49	268,52	292,1	185,91	189,59
GesP12	100,46	127,78	131,34	194,36	134,43	165,04	224,76	226,82	278,09	285,12	183,89	188,08
GesP13	100,46	120,9	130,39	130,39	143,16	145,17	211,1	221,14	241,57	252,92	186,09	187,91
GesP14	119,68	119,68	184,47	187,17	138,41	149,69	211,36	228,55	252,02	252,02	0	0
GesP15	120,83	150,68	167,02	186,97	140,39	140,39	213,23	223,02	230,28	230,28	186,01	186,01
GesP16	136,87	150,68	200,09	222,42	0	0	220,73	220,73	232,55	247,34	188,77	188,77
GesP17	110,04	150,59	173,34	186,37	138,41	138,41	224,56	228,68	269,79	278,01	186,03	186,03
GesP18	150,69	168,78	130,49	130,49	131,85	131,85	225,05	225,05	230,23	230,23	188,8	188,8
GesP19	127,68	143,79	201	201	160,09	160,09	226,65	226,65	230,37	318,97	184,02	186,68
GesP20	136,79	141,33	167	196,09	140,18	149,69	213,05	215,28	0	0	183,84	186,2
GrnP01	93,01	100,84	138,71	147,38	120,67	149,16	167,01	167,01	244,99	244,99	184,09	188,51
GrnP02	89,95	115,55	139,96	190,78	140,39	161,14	211,26	213,17	244,97	244,97	0	0

ID	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
GrnP03	100,49	100,49	137,63	156,73	147,39	147,39	213,32	213,32	245,14	245,14	179,63	186,28
GrnP04	100,69	102,66	159,63	228,38	120,8	179,97	0	0	281,01	281,01	0	0
GrnP05	100,53	100,53	139,86	164,3	136,37	164,49	166,92	166,92	232,97	244,96	186,26	186,26
GrnP06	100,63	122,33	196,31	230,32	138,7	179,88	0	0	232,93	245,13	177,77	177,77
GrnP07	100,6	110,43	159,63	181,06	138,12	181,8	0	0	233,1	245,22	177,85	189,75
GrnP08	92,77	100,62	139,86	186,37	154,98	169,21	221,28	221,28	245,64	245,64	183,97	183,97
GrnP09	0	0	136,47	188,2	126,56	189,58	167,02	167,02	227,94	245,14	0	0
GrnP10	110,26	114,02	131,3	159,63	166,3	180,12	209,09	209,09	245,08	245,08	0	0
GrnP11	110,33	126,66	136,46	157,67	138,51	164,5	0	0	233,1	233,1	186,08	186,08
GrnP12	100,63	114,12	137,64	138,42	172,2	172,2	213,36	217,16	229,99	245,1	0	0
GrnP13	92,56	92,56	159,63	196,09	144,96	202,89	0	0	245,17	245,17	179,69	179,69
GrnP14	100,45	100,45	136,55	165,37	149,69	170,35	166,96	166,96	230,07	245,22	186,61	186,61
GrnP15	100,62	128,67	137,24	188,29	134,52	174,17	0	0	247,2	247,2	188,33	188,33
GrnP16	89,86	100,54	156,63	159,54	140,91	142,7	0	0	245,09	269,84	177,9	188,34
GrnP17	100,54	124,41	130,48	156,73	149,27	151,27	167,02	167,02	236,1	269,38	0	0
GrnP18	122,38	142,6	136,44	159,72	134,48	179,69	0	0	245,17	245,17	179,79	179,79
GrnP19	125,43	127,57	141,46	181,06	150,68	164,31	0	0	218,01	245,16	179,54	184,13
GrnP20	102,72	165,44	138,51	159,63	147,09	147,09	0	0	219,21	245,61	186,52	186,52
KunP01	143,75	143,75	130,38	180,52	142,74	142,74	214,92	217,01	269,82	289,93	188,78	188,78
KunP02	139,11	163,45	186,95	199,17	140,19	140,19	195,86	215,17	261,16	274,88	0	0
KunP03	136,98	163,03	186,4	187,22	143,22	165,07	209,07	226,94	287,56	294,36	189,53	189,53
KunP04	165,54	165,54	199	199	145,63	149,59	217,14	222,74	274,76	289,98	186,02	186,02
KunP05	101	130,45	186,95	194,27	138,32	138,32	216,98	246,13	292,24	300,66	186,02	186,02
KunP06	130,41	165,97	187,21	198,26	142,67	142,67	172,01	232,57	230,51	274,02	188,73	188,73
KunP07	124,07	132,77	181,8	181,8	151,36	151,36	228,56	228,56	274,68	283,29	186,16	188,41
KunP08	122,13	171,73	181,77	199	146,16	153,39	187,91	226,58	262,5	274,72	183,89	188,35
KunP09	111,38	136,87	173,41	173,41	129,93	138,71	213,19	218,89	240,42	269,89	0	0
KunP10	113,31	126,25	192,63	192,63	136,34	143,21	0	0	230,4	273,8	185,99	185,99
KunP11	162,96	162,96	181,8	181,8	138,51	153,49	224,64	224,64	253,04	276,9	185,98	185,98
KunP12	130,45	171,73	130,5	167	147,51	153,39	172,09	217,03	230,42	261,01	188,07	188,07
KunP13	117,84	122,07	186,49	191,26	128,21	147,09	226,58	228,48	224,01	230,4	188,86	188,86
KunP14	89,77	165,05	199,08	199,08	141,03	149,79	226,55	228,37	230,41	291,7	186,28	186,28
KunP15	89,75	115,6	131,4	179,82	0	0	222,75	224,48	279,18	279,18	186,62	188,8
KunP16	122,16	163,43	194,38	194,38	145,07	157,39	217,03	223,08	231,47	274,78	183,85	183,85
KunP17	107,32	128,29	159,81	192,17	140,91	140,91	207,14	217,08	230,16	279,98	188,96	188,96
KunP18	130,46	165,58	194,4	194,4	144,96	149,79	213,08	217,08	252,06	266,53	177,76	186,35
KunP19	143,8	163,06	195,43	195,43	136,76	143,23	215,03	218,83	252,03	252,03	186,01	186,01
KunP20	136,89	148,14	130,5	132,52	153,39	157,38	224,78	226,76	285,1	285,1	185,98	188,87
RueP01	125,98	125,98	194,27	199	138,22	138,22	205,23	212,82	271,86	277,01	188,8	188,8
RueP02	152,92	164,95	194,4	194,4	153,62	185,91	216,81	216,81	252,08	273,41	188,7	188,7
RueP03	130,4	141,04	138,9	195,43	145,39	159,91	220,83	232,53	232,01	269,8	186,05	190,8
RueP04	103,38	121,96	194,27	194,27	0	0	213,17	213,17	231,41	269,79	186,22	186,22
RueP05	125,11	134,75	181,68	203,61	138,32	146,89	164,22	212,81	270,29	277,02	188,76	188,76
RueP06	89,79	146,01	130,51	181,7	146,94	146,94	219,05	228,5	287,87	301,44	185,99	185,99

ID	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
RueP07	0	0	194,34	194,34	142,1	142,1	195,46	215,3	240,22	245,31	177,79	177,79
RueP08	154,49	168,48	184,99	198,18	144,97	147,07	220,72	223,07	267,67	294,27	188,72	190,75
RueP09	143,69	162,92	179,65	197,08	143,38	155,08	195,47	219,25	230,31	252,71	188,73	192,86
RueP10	101,11	113,38	159,72	222,46	153,65	153,65	224,98	226,8	251,99	283,24	183,96	183,96
RueP11	101,11	124,09	180,6	194,14	151,36	154,16	213,06	215,05	217,87	217,87	177,74	177,74
RueP12	143,8	150,68	132,21	194,97	167,14	167,14	230,52	230,52	275,92	287,49	188,89	188,89
RueP13	150,59	150,59	159,81	198,91	138,61	152,26	222,66	222,66	273,85	287,41	183,87	188,79
RueP14	113,48	136,98	194,16	194,16	129,62	144,94	212,85	212,85	269,77	288,09	183,97	188,79
RueP15	145	168,62	190,37	194,88	147,3	166,87	184,16	220,84	252,02	252,02	186,2	186,2
RueP16	126,03	143,85	180,49	184,98	0	0	209,47	214,98	230,39	230,39	185,99	192,92
RueP17	148,12	163,39	186,93	196,61	159,25	159,25	207,35	207,35	274,76	281,27	184,38	188,63
RueP18	123,97	162,99	130,47	184,95	134,81	151,36	213,13	224,82	252,95	295,15	186,04	186,04
RueP19	122,02	130,49	186,35	187,09	130,04	138,61	217,14	223,01	231,38	285,06	183,97	183,97
RueP20	130,42	152,82	138,71	141,99	153,88	153,88	195,54	211,37	231,45	294,25	190,8	190,8
ScaP01	113,25	141,27	137,13	207,93	142,13	147,57	211,45	222,64	230,34	258,14	183,79	190,62
ScaP02	150,68	159,26	167,02	204,98	136,46	157,76	212,95	222,65	247,28	279,17	185,91	190,68
ScaP03	100,37	141,44	130,38	138,71	147,38	147,38	216,94	216,94	231,97	335,86	188,55	188,55
ScaP04	118,92	143,75	188,88	188,88	142,9	142,9	211,1	222,85	254,17	299,36	188,7	188,7
ScaP05	99,61	143,69	190,48	190,48	147,59	147,59	0	0	230,19	230,19	190,62	190,62
ScaP06	143,65	159,16	130,44	204,99	147,6	157,76	212,9	222,86	247,22	274,76	187,93	187,93
ScaP07	141,33	159,16	194,62	208,03	157,67	157,67	222,92	222,92	247,29	247,29	187,96	190,71
ScaP08	150,68	152,82	194,16	198,91	138,32	162,06	218,79	228,48	278,02	283,76	188,15	189,34
ScaP09	99,42	150,59	131,34	132,42	151,18	151,18	211,09	211,09	296,59	315,95	185,76	190,56
ScaP10	89,7	113,3	131,4	197,99	157,76	157,76	164,41	222,65	247,33	247,33	0	0
ScaP11	126,92	162,99	130,36	199	145,07	145,07	209,21	234,45	232,61	294,34	186,08	186,08
ScaP12	123,78	128,17	190,38	203,53	147,38	147,38	215,13	222,57	230,4	271,91	188,7	188,7
ScaP13	119,67	128,1	131,47	137,13	149,06	149,06	212,98	222,71	232,02	315,99	185,35	190,62
ScaP14	107,15	121,33	136,95	204,99	140,82	158,98	164,39	164,39	232,68	315,94	186	190,59
ScaP15	121,75	121,75	184,34	197,9	132,29	152,82	0	0	278,04	278,04	183,74	183,74
ScaP16	103,1	103,1	152,72	152,72	132,68	151,17	217,16	225,03	271,45	275,37	188,79	188,79
ScaP17	127,97	150,59	199,08	199,08	158,97	158,97	178,35	222,73	231,94	247,13	190,48	190,48
ScaP18	150,59	171,69	137,14	180,82	147,39	147,39	216,95	230,57	242,16	335,75	183,74	186,05
ScaP19	143,75	150,78	167,03	184,74	136,57	136,57	164,39	164,39	230,19	230,19	185,49	185,49
ScaP20	100,55	113,36	130,39	131,35	147,59	147,59	212,93	222,88	274,77	295,79	190,77	190,77
SomP01	150,49	150,49	159,91	189,39	153,43	153,43	224,75	224,75	230,22	230,22	180,1	190,69
SomP02	113,21	127,58	194,43	228,12	146,88	151,57	213,06	220,78	230,18	230,18	188,44	188,44
SomP03	143,8	153,88	180,84	195,26	143,27	157,76	220,86	222,67	230,29	230,29	185,95	188,6
SomP04	148,34	150,69	130,48	138,81	149,79	149,79	168,3	218,87	231,45	274,68	0	0
SomP05	103,04	165,46	208,05	222,42	143,1	153,72	211,18	215	217,73	283,32	0	0
SomP06	146,02	172,15	195,23	195,23	140,82	147,28	214,95	219,31	230,25	231,25	183,74	188,54
SomP07	121,9	150,78	185,02	185,02	142,8	154,19	211,21	211,21	287,48	287,48	183,74	185,85
SomP08	121,95	150,78	173,46	197,09	143,11	151,28	164,31	218,97	230,39	230,39	188,66	188,66
SomP09	100,37	158,02	194,38	194,38	147,6	171,26	220,75	226,68	230,36	269,85	188	188
SomP10	103,13	123,93	194,14	194,14	136,36	140,82	223,13	232,63	274,72	274,72	185,96	189,46

ID	3B2	3B9	3D5	3F1	4A7	5A8						
SomP11	124	127,04	192,06	196,08	146,88	153,13	193,79	215,07	230,24	327,27	174,45	185,81
SomP12	113,39	127,19	198,91	198,91	138,71	147,51	174,24	207,22	279,05	294,23	186,09	186,09
SomP13	126,98	150,59	130,38	142,74	147,59	157,74	228,47	228,47	274,73	276,02	0	0
SomP14	113,24	143,69	190,26	192,1	138,31	149,48	217,2	232,53	242,21	274,72	183,83	188,63
SomP15	136,86	150,68	182,54	190,52	149,69	149,69	209,03	211,11	230,38	285,2	188,48	188,48
SomP16	126,08	143,74	180,6	194,27	147,09	147,09	211,1	224,84	224,01	287,91	186,03	188,78
SomP17	115,41	130,27	197,23	197,23	153,62	153,62	170,21	223,01	230,33	258,94	183,82	189,48
SomP18	130,27	152,92	137,14	195,35	142,73	147,49	182,17	211,51	283,34	287,27	188,44	188,44
SomP19	143,8	143,8	167,01	178,53	146,86	146,86	193,85	211,49	230,42	283,92	188,57	188,57
SomP20	127,1	127,1	130,39	194,16	147,59	147,59	207,22	228,46	274,66	294,23	186,27	186,27
SomP21	113,36	127,01	142,78	199,08	138,7	147,57	207,18	228,47	276,03	279,25	0	0
UetP01	113,65	132,68	199,18	199,18	0	0	224,9	224,9	262,49	262,49	185,96	185,96
UetP02	111,15	161,31	176,71	195,27	147,51	157,83	217,15	220,68	247,3	279,14	177,6	186,09
UetP03	100,46	123,99	186,95	198,91	142,06	153,42	212,91	220,87	230,39	252,86	188,66	188,66
UetP04	126,14	132,63	187,2	200,37	140,82	153,36	205,36	215	230,47	247,35	183,92	188,65
UetP05	148,43	163,37	132,47	184,99	147,28	147,28	195,71	217,04	231,25	274,74	188,54	188,54
UetP06	121,14	162,9	130,48	130,48	153,42	160	220,77	230,54	231,96	252,04	174,55	188,02
UetP07	153,91	153,91	131,35	186,95	146,88	149,07	220,66	222,74	230,37	276,66	186,71	188,72
UetP08	132,51	148,52	137,13	191,4	149,79	149,79	216,92	222,93	289,95	289,95	183,73	183,73
UetP09	143,86	152,81	130,45	184,44	139	149,9	211,49	232,52	230,43	287,46	186,23	186,23
UetP10	122,18	143,75	142,8	142,8	134,72	151,08	213,09	223,04	252,06	276	186	188,66
UetP11	127,89	150,68	180,56	186,92	144,86	151,17	213,19	224,85	274,71	274,71	186,09	186,09
UetP12	130,39	153,81	180,56	194,66	147,15	153,14	224,81	224,81	223,95	252,17	185,4	185,4
UetP13	162,99	162,99	173,49	187	0	0	211,51	211,51	296,7	316,7	183,78	188,57
UetP14	143,8	172,67	130,38	196,08	144,75	144,75	215,16	222,84	231,42	231,42	188,24	188,24
UetP15	89,79	143,86	131,34	190,13	146,75	146,75	226,65	228,46	230,36	242,17	186,18	190,77
UetP16	113,11	113,11	188,9	192,24	161,42	161,42	218,55	224,74	242,19	272,89	183,77	190,62
UetP17	132,68	160,84	180,54	184,99	153,11	153,11	211,14	220,84	231,39	231,39	183,83	183,83
UetP18	134,72	134,72	190,16	201,99	136,37	136,37	168,3	168,3	231,33	231,33	0	0
UetP19	119,63	119,63	0	0	0	0	203,43	214,89	252,86	285,08	183,83	190,8
UetP20	123,93	150,4	130,3	130,3	153,62	153,62	207,44	213,17	230,43	281,38	188,5	188,5

Table A2.3 – Fixpoints used for Tandem scoring

Locus	Fragment size	Allele
1C3	177,46	178
1F9	204,45	205
2C2	155,15	156
2D4	121,23	122
2D6	206,30	208
2D9	130,19	130
2G12	260,46	260
3B2	122,07	123
3B9	194,29	196
3D5	140,68	140
3F1	220,83	221
4A7	295,53	296
5A8	186,18	187

Table A2.4 – Genotype data after allele binning with Tandem for loci 1C2, 1F9, 2C2, 2D4, 2D6, 2D9 and 2G12

	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
CaiP01	188	234	245	273	162	174	122	128	228	240	130	180	256	260
CaiP02	0	0	235	279	154	172	0	0	188	194	164	164	258	270
CaiP03	0	0	225	253	154	156	148	160	212	212	128	128	248	254
CaiP04	0	0	229	251	172	194	126	126	232	232	130	164	256	274
CaiP05	170	188	213	253	148	170	154	154	178	194	130	130	260	264
CaiP06	202	202	251	295	160	162	150	150	216	236	130	130	252	262
CaiP07	202	202	225	253	146	154	178	178	216	228	130	138	248	260
CaiP08	190	202	225	237	148	168	0	0	182	212	132	132	264	266
CaiP09	0	0	241	241	146	158	140	140	204	214	130	132	252	264
CaiP10	168	186	267	267	162	174	128	128	178	232	128	130	264	270
CaiP11	0	0	253	269	154	170	126	176	182	224	128	130	260	266
CaiP12	0	0	251	251	160	160	136	150	174	174	128	130	248	264
CaiP13	188	236	209	271	154	156	156	156	188	218	130	166	258	270
CaiP14	188	224	249	287	154	198	126	180	220	220	160	178	260	264
CaiP15	188	212	203	215	154	158	176	180	212	212	126	130	256	258
CaiP16	200	200	251	259	154	172	132	132	178	212	130	130	264	266
CaiP17	176	180	239	253	156	202	128	156	188	224	128	176	260	264
CaiP18	184	184	249	249	154	176	156	182	190	190	128	130	260	262
CaiP19	0	0	201	207	170	198	170	184	192	196	160	180	232	270
CaiP20	0	0	249	251	146	160	136	154	208	224	130	162	258	262
GesP01	186	240	219	245	154	170	126	160	184	184	128	182	262	272
GesP02	222	222	199	263	162	170	138	168	186	218	128	132	256	276
GesP03	186	212	265	265	156	162	0	0	212	220	130	138	270	272
GesP04	0	0	239	239	156	200	124	166	224	224	128	178	270	270
GesP05	190	190	255	255	154	154	136	136	196	246	130	132	274	298
GesP06	194	204	249	255	154	170	154	154	178	208	128	128	272	276
GesP07	202	202	203	267	160	170	156	180	222	244	128	128	262	274
GesP08	0	0	211	253	156	172	136	136	0	0	130	136	268	276
GesP09	170	182	249	275	154	164	158	176	184	220	132	136	252	254
GesP10	204	204	205	209	154	170	154	154	184	208	128	128	264	264
GesP11	0	0	199	263	146	158	126	152	194	226	130	192	260	262
GesP12	194	220	229	251	154	162	124	196	218	218	132	192	252	270
GesP13	194	194	257	257	154	202	124	150	222	244	162	192	248	252
GesP14	194	194	213	233	172	172	142	142	174	174	182	192	262	262
GesP15	0	0	239	239	154	160	0	0	224	224	130	130	254	270
GesP16	0	0	227	251	154	170	124	162	0	0	130	130	260	266
GesP17	172	172	233	275	168	172	122	170	214	218	138	166	256	268
GesP18	190	236	209	273	158	162	162	180	184	212	128	192	258	268
GesP19	0	0	199	251	154	162	0	0	194	194	162	182	260	260
GesP20	180	180	247	251	154	172	136	138	226	226	130	132	268	274
GrnP01	186	198	263	263	166	166	0	0	0	0	180	180	216	246
GrnP02	168	198	283	283	152	152	158	158	176	200	204	204	224	238

	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
GrnP03	188	188	261	299	156	156	0	0	194	194	176	176	250	276
GrnP04	0	0	231	237	158	162	154	156	168	168	132	218	240	242
GrnP05	170	186	231	283	156	156	140	140	0	0	168	168	238	258
GrnP06	174	190	231	239	156	158	160	160	182	194	174	220	230	250
GrnP07	206	206	215	215	154	156	160	160	208	208	178	184	226	226
GrnP08	0	0	213	243	166	166	136	136	184	186	186	186	276	276
GrnP09	184	190	235	235	150	150	130	130	212	212	214	214	224	224
GrnP10	168	168	323	323	156	156	136	144	194	194	168	168	230	234
GrnP11	168	174	215	215	154	154	130	130	176	180	136	188	224	268
GrnP12	0	0	277	277	146	146	0	0	0	0	180	180	236	242
GrnP13	176	192	263	263	152	152	0	0	212	212	128	128	240	262
GrnP14	176	204	239	253	152	152	132	132	168	182	182	182	224	242
GrnP15	184	200	267	267	156	156	0	0	0	0	178	178	224	260
GrnP16	186	198	247	263	162	166	130	132	0	0	184	184	238	238
GrnP17	182	200	261	261	150	150	144	144	0	0	162	166	224	238
GrnP18	172	176	229	229	150	158	0	0	210	210	156	174	230	238
GrnP19	174	192	263	289	154	154	0	0	180	196	194	194	242	242
GrnP20	0	0	235	235	154	162	0	0	0	0	196	196	228	228
KunP01	178	200	253	285	146	182	150	160	196	196	198	198	260	264
KunP02	202	216	225	251	154	170	0	0	184	218	132	138	272	272
KunP03	212	212	227	285	162	180	122	164	192	194	132	132	260	260
KunP04	198	224	215	215	154	160	142	142	220	220	132	132	258	266
KunP05	204	236	209	231	156	176	196	196	184	184	128	178	256	270
KunP06	178	200	221	221	146	156	150	162	188	224	130	164	254	258
KunP07	0	0	243	243	154	156	126	156	194	208	130	130	260	268
KunP08	0	0	245	279	156	156	160	160	212	212	130	178	256	258
KunP09	190	204	229	229	156	162	138	148	212	212	134	166	260	262
KunP10	204	212	199	239	154	170	164	182	194	194	128	166	248	262
KunP11	186	186	209	255	154	198	124	156	224	224	140	184	260	262
KunP12	188	220	267	267	154	170	134	160	218	238	132	182	264	268
KunP13	196	196	199	205	154	168	152	152	188	194	130	192	260	262
KunP14	174	186	249	293	146	162	136	154	188	228	130	164	260	262
KunP15	198	198	221	273	156	174	170	180	216	224	128	130	280	280
KunP16	206	212	203	223	154	162	126	140	178	178	130	132	264	264
KunP17	186	236	273	287	154	174	136	156	224	224	176	184	262	268
KunP18	228	228	253	261	146	172	0	0	184	194	130	138	260	274
KunP19	184	212	203	211	160	162	156	156	184	216	132	132	260	266
KunP20	0	0	253	253	156	162	156	156	182	204	134	136	264	268
RueP01	202	202	233	251	154	158	162	162	222	222	130	192	272	272
RueP02	0	0	199	209	154	156	126	138	248	248	180	204	270	272
RueP03	0	0	227	237	156	170	150	164	0	0	130	182	248	268
RueP04	228	228	0	0	162	198	136	156	226	240	130	130	264	274
RueP05	186	186	209	259	154	154	128	156	192	192	130	132	270	276
RueP06	178	178	209	209	154	156	140	140	246	246	130	178	262	270

	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
RueP07	166	194	255	265	156	156	120	148	214	214	138	180	248	248
RueP08	0	0	251	263	146	146	164	184	188	218	128	128	258	260
RueP09	0	0	255	273	156	162	162	172	0	0	184	192	260	260
RueP10	0	0	245	253	146	160	148	158	0	0	132	132	258	266
RueP11	198	198	211	253	146	154	136	136	220	226	130	192	262	268
RueP12	0	0	199	237	172	174	124	146	180	180	162	182	248	260
RueP13	190	236	207	273	154	174	178	178	214	214	136	166	266	268
RueP14	0	0	199	215	0	0	158	158	0	0	128	130	262	266
RueP15	0	0	229	249	146	162	158	178	212	216	130	130	260	268
RueP16	188	212	205	241	154	154	164	164	190	190	130	162	260	266
RueP17	180	188	207	227	154	172	126	156	186	192	130	130	260	266
RueP18	0	0	209	265	146	156	126	158	232	232	136	136	248	260
RueP19	182	192	211	275	160	164	186	186	188	188	132	186	248	264
RueP20	0	0	199	209	168	170	150	150	210	238	130	130	258	262
ScaP01	0	0	205	237	156	172	158	160	194	212	130	174	270	274
ScaP02	192	192	223	241	154	156	124	124	212	212	134	192	260	266
ScaP03	198	206	223	251	154	162	158	164	196	200	128	186	258	272
ScaP04	188	188	201	205	156	198	156	166	192	192	128	184	260	264
ScaP05	182	228	201	205	170	172	168	168	224	232	130	130	260	262
ScaP06	188	188	201	205	154	156	138	166	184	184	184	190	260	272
ScaP07	188	226	241	241	154	202	124	138	194	224	164	190	274	284
ScaP08	182	182	253	253	154	156	136	136	168	188	130	186	260	262
ScaP09	182	224	205	241	156	172	168	178	208	212	138	190	258	260
ScaP10	192	198	205	237	146	154	126	126	184	184	130	130	260	260
ScaP11	198	204	211	251	156	170	156	176	208	208	128	138	254	272
ScaP12	182	224	199	235	154	196	124	136	212	212	130	162	258	260
ScaP13	188	188	205	223	156	196	124	164	224	224	130	182	258	260
ScaP14	182	224	205	205	154	168	158	162	224	224	130	188	260	266
ScaP15	170	170	203	215	156	196	154	170	178	178	178	178	264	264
ScaP16	188	192	239	273	156	160	152	164	194	196	182	208	240	252
ScaP17	188	188	241	265	154	156	124	140	202	224	130	192	268	272
ScaP18	198	228	259	265	154	158	164	164	0	0	162	192	248	264
ScaP19	222	222	201	223	154	170	122	138	196	232	130	192	262	266
ScaP20	0	0	201	205	156	196	158	166	184	184	134	174	260	260
SomP01	188	188	207	269	154	170	136	154	208	220	130	160	258	262
SomP02	0	0	201	227	162	172	136	150	190	196	134	174	212	268
SomP03	212	212	251	261	172	174	124	152	216	230	132	136	260	268
SomP04	196	202	227	253	154	172	154	162	224	232	130	130	266	268
SomP05	0	0	211	211	154	182	158	162	216	220	138	182	248	248
SomP06	0	0	229	237	162	162	136	138	178	212	128	128	260	266
SomP07	220	220	213	241	154	194	136	138	196	196	130	132	270	270
SomP08	184	226	249	271	154	156	140	166	184	188	130	184	260	260
SomP09	198	198	249	289	160	198	140	154	210	210	130	172	266	274
SomP10	194	228	207	249	160	176	136	150	180	180	130	130	256	274

	1C3		1F9		2C2		2D4		2D6		2D9		2G12	
SomP11	190	224	249	253	196	196	126	180	218	218	128	130	260	276
SomP12	232	232	197	199	162	164	122	134	212	212	186	190	254	258
SomP13	192	192	253	267	146	162	158	162	196	252	130	198	252	266
SomP14	186	204	253	253	154	156	134	188	180	180	128	192	258	270
SomP15	0	0	227	231	162	162	126	154	226	226	168	214	254	274
SomP16	212	212	237	249	154	162	122	122	212	212	130	130	254	260
SomP17	174	174	253	263	146	146	122	122	184	212	0	0	266	274
SomP18	0	0	259	271	154	154	136	166	184	212	190	190	258	260
SomP19	184	184	203	211	156	196	124	126	198	198	128	132	256	258
SomP20	184	200	197	253	146	162	122	158	252	252	130	130	254	266
SomP21	192	192	199	267	146	162	134	158	212	212	130	186	254	266
UetP01	202	202	235	237	158	160	176	176	212	234	132	180	260	260
UetP02	196	226	255	277	154	156	126	176	210	214	172	172	260	266
UetP03	164	184	203	209	154	164	134	134	190	224	128	130	260	260
UetP04	178	192	227	235	158	170	122	154	224	224	132	132	276	276
UetP05	212	234	209	209	146	202	150	154	188	212	130	192	262	262
UetP06	0	0	191	273	164	172	124	134	210	216	132	166	260	262
UetP07	184	192	207	253	170	176	126	126	208	208	156	192	254	262
UetP08	188	202	201	201	156	170	154	154	210	210	180	192	258	264
UetP09	192	192	215	243	146	202	158	166	194	196	128	180	260	268
UetP10	202	202	203	215	154	200	156	156	194	212	128	130	252	268
UetP11	190	190	225	269	146	156	168	180	230	232	130	184	260	268
UetP12	212	212	251	257	158	162	136	166	178	214	130	138	258	266
UetP13	212	212	265	321	154	162	122	134	224	224	130	130	258	264
UetP14	186	200	209	225	146	172	122	130	224	224	136	182	258	278
UetP15	202	202	203	241	156	200	148	168	212	234	132	194	262	272
UetP16	178	178	245	301	154	196	126	166	182	208	138	204	266	270
UetP17	192	204	207	271	146	170	148	160	216	218	130	184	258	272
UetP18	224	224	251	255	154	170	124	124	232	252	130	132	260	276
UetP19	220	220	241	247	154	192	122	132	212	212	0	0	260	268
UetP20	184	216	215	253	154	154	162	172	212	212	128	194	262	264

Table A2.5 – Genotype data after allele binning with Tandem for loci 3B2, 3B9, 3D5, 3F1, 4A7 and 5A8

	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
CaiP01	103	153	128	128	144	144	219	229	264	290	187	189
CaiP02	103	157	194	194	136	140	213	221	270	270	187	199
CaiP03	131	143	174	184	140	142	215	223	264	300	185	187
CaiP04	121	125	0	0	146	154	171	213	220	276	185	185
CaiP05	123	149	196	230	142	146	213	221	220	284	189	189
CaiP06	119	131	180	214	146	146	217	223	234	296	185	187
CaiP07	147	155	142	188	146	150	225	229	222	222	189	189
CaiP08	109	151	188	198	148	168	217	225	206	286	189	189
CaiP09	129	157	200	200	144	144	217	217	248	304	189	189
CaiP10	131	151	128	192	152	152	217	221	246	274	185	185
CaiP11	149	149	202	202	152	158	219	219	246	264	0	0
CaiP12	137	151	186	200	152	164	195	197	212	272	189	189
CaiP13	129	129	160	184	146	146	227	227	220	220	177	203
CaiP14	135	135	184	198	140	140	209	213	220	248	189	189
CaiP15	115	125	198	198	130	148	223	227	234	256	0	0
CaiP16	125	139	182	190	148	148	221	221	246	284	185	187
CaiP17	125	125	128	196	146	158	205	221	238	246	189	189
CaiP18	113	143	200	200	148	148	231	231	208	222	0	0
CaiP19	149	151	120	128	150	150	227	233	220	246	187	187
CaiP20	115	139	186	196	142	142	211	211	220	272	179	187
GesP01	105	113	136	236	146	148	211	221	270	296	189	189
GesP02	121	133	168	188	146	148	213	221	212	276	177	177
GesP03	137	149	182	196	140	156	229	231	212	290	0	0
GesP04	139	165	186	202	158	158	217	233	212	272	185	189
GesP05	129	149	202	202	0	0	215	233	220	220	185	189
GesP06	113	137	178	186	148	148	219	231	266	284	185	187
GesP07	125	125	130	186	142	160	213	213	222	290	189	189
GesP08	115	163	128	198	148	148	225	233	208	284	185	187
GesP09	149	161	136	214	140	140	185	235	234	234	185	185
GesP10	147	161	192	226	152	152	195	209	280	316	185	185
GesP11	105	115	136	194	140	150	213	235	264	294	187	189
GesP12	103	129	130	196	134	164	225	227	276	284	185	189
GesP13	103	121	128	128	142	144	213	223	234	246	187	189
GesP14	121	121	186	188	138	148	213	229	246	246	0	0
GesP15	121	149	168	188	140	140	215	225	220	220	187	187
GesP16	137	149	202	226	0	0	221	221	222	240	189	189
GesP17	113	149	174	188	138	138	225	229	266	276	187	187
GesP18	149	165	128	128	132	132	227	227	220	220	189	189
GesP19	129	143	204	204	158	158	227	227	220	324	185	187
GesP20	137	141	168	198	140	148	215	217	0	0	185	187
GrnP01	97	103	136	146	122	148	169	169	236	236	185	189
GrnP02	93	117	138	192	140	160	213	215	236	236	0	0

	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
GrnP03	103	103	136	156	146	146	215	215	238	238	181	187
GrnP04	103	105	160	232	122	176	0	0	280	280	0	0
GrnP05	103	103	138	164	136	162	169	169	222	236	187	187
GrnP06	103	123	198	234	138	176	0	0	222	238	179	179
GrnP07	103	113	160	182	138	178	0	0	224	238	179	189
GrnP08	95	103	138	188	152	168	223	223	238	238	185	185
GrnP09	0	0	134	190	126	186	169	169	216	238	0	0
GrnP10	113	117	130	160	164	178	211	211	238	238	0	0
GrnP11	113	127	134	158	138	162	0	0	224	224	187	187
GrnP12	103	117	136	136	170	170	215	219	220	238	0	0
GrnP13	95	95	160	198	144	198	0	0	238	238	181	181
GrnP14	103	103	134	166	148	168	169	169	220	238	187	187
GrnP15	103	129	136	190	134	172	0	0	240	240	189	189
GrnP16	93	103	156	160	140	142	0	0	238	266	179	189
GrnP17	103	125	128	156	148	150	169	169	228	266	0	0
GrnP18	123	143	134	160	134	176	0	0	238	238	181	181
GrnP19	127	129	140	182	150	162	0	0	206	238	181	185
GrnP20	105	163	136	160	146	146	0	0	208	238	187	187
KunP01	143	143	128	182	142	142	215	219	266	290	189	189
KunP02	139	161	188	202	140	140	197	217	256	272	0	0
KunP03	137	161	188	188	142	164	211	227	288	296	189	189
KunP04	163	163	202	202	144	148	219	223	272	290	187	187
KunP05	105	131	188	196	138	138	217	247	294	302	187	187
KunP06	131	163	188	200	142	142	175	233	220	272	189	189
KunP07	125	133	182	182	150	150	229	229	272	282	187	189
KunP08	123	169	182	202	146	152	189	227	258	272	185	189
KunP09	113	137	174	174	130	138	215	219	232	266	0	0
KunP10	115	127	194	194	136	142	0	0	220	270	187	187
KunP11	161	161	182	182	138	152	225	225	248	274	187	187
KunP12	131	169	128	168	146	152	175	219	220	256	189	189
KunP13	119	123	188	194	128	146	227	229	214	220	189	189
KunP14	93	163	202	202	140	148	227	229	220	292	187	187
KunP15	93	117	130	180	0	0	223	225	278	278	187	189
KunP16	123	161	196	196	144	156	219	225	222	272	185	185
KunP17	109	129	160	194	140	140	209	219	220	278	189	189
KunP18	131	163	196	196	144	148	215	219	246	262	179	187
KunP19	143	161	198	198	136	142	217	219	246	246	187	187
KunP20	137	147	128	130	152	156	225	227	284	284	187	189
RueP01	127	127	196	202	138	138	207	213	268	276	189	189
RueP02	151	163	196	196	152	182	217	217	246	270	189	189
RueP03	131	141	136	198	144	158	221	233	222	266	187	191
RueP04	105	123	196	196	0	0	215	215	222	266	187	187
RueP05	127	135	182	206	138	146	167	213	268	276	189	189
RueP06	93	145	128	182	146	146	221	229	288	304	187	187

	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
RueP07	0	0	196	196	142	142	197	217	232	238	179	179
RueP08	153	165	186	200	144	146	221	225	264	296	189	191
RueP09	143	161	180	200	142	154	197	221	220	246	189	193
RueP10	105	115	160	226	152	152	225	227	244	282	185	185
RueP11	105	125	182	196	150	152	215	217	206	206	179	179
RueP12	143	149	130	196	166	166	231	231	274	288	189	189
RueP13	149	149	160	200	138	150	223	223	270	288	185	189
RueP14	115	137	196	196	130	144	213	213	266	288	185	189
RueP15	145	165	192	196	146	164	187	221	246	246	187	187
RueP16	127	143	182	186	0	0	211	215	220	220	187	193
RueP17	147	161	188	198	158	158	209	209	272	280	185	189
RueP18	125	161	128	186	134	150	215	225	246	296	187	187
RueP19	123	131	188	188	130	138	219	225	222	284	185	185
RueP20	131	151	136	140	152	152	197	213	222	296	191	191
ScaP01	115	141	136	210	142	146	213	223	220	254	185	191
ScaP02	149	157	168	206	136	156	213	223	240	278	187	191
ScaP03	103	141	128	136	146	146	217	217	222	344	189	189
ScaP04	119	143	190	190	142	142	213	223	248	302	189	189
ScaP05	103	143	192	192	146	146	0	0	220	220	191	191
ScaP06	143	157	128	206	146	156	213	223	240	272	189	189
ScaP07	141	157	196	212	156	156	223	223	240	240	189	191
ScaP08	149	151	196	200	138	160	219	229	276	282	189	189
ScaP09	103	149	130	130	150	150	213	213	298	320	187	191
ScaP10	93	115	130	200	156	156	167	223	240	240	0	0
ScaP11	127	161	128	202	144	144	211	235	222	296	187	187
ScaP12	125	129	192	206	146	146	217	223	220	268	189	189
ScaP13	121	129	130	136	148	148	213	223	222	320	187	191
ScaP14	109	123	134	206	140	156	167	167	222	320	187	191
ScaP15	123	123	186	200	132	150	0	0	276	276	185	185
ScaP16	105	105	152	152	132	150	219	227	268	274	189	189
ScaP17	129	149	202	202	156	156	181	223	222	240	191	191
ScaP18	149	169	136	182	146	146	217	231	234	344	185	187
ScaP19	143	149	168	186	136	136	167	167	220	220	187	187
ScaP20	103	115	128	130	146	146	213	223	272	296	191	191
SomP01	149	149	160	192	152	152	225	225	220	220	183	191
SomP02	115	129	196	232	146	150	215	221	220	220	189	189
SomP03	143	153	182	198	142	156	221	223	220	220	187	189
SomP04	147	149	128	136	148	148	171	219	222	272	0	0
SomP05	105	163	212	226	142	152	213	217	206	282	0	0
SomP06	145	169	198	198	140	146	215	221	220	222	185	189
SomP07	123	149	186	186	142	152	213	213	288	288	185	187
SomP08	123	149	174	200	142	150	167	219	220	220	189	189
SomP09	103	157	196	196	146	168	221	227	220	266	189	189
SomP10	105	125	196	196	136	140	225	233	272	272	187	189

	3B2		3B9		3D5		3F1		4A7		5A8	
SomP11	125	129	194	198	146	152	195	217	220	334	177	187
SomP12	115	129	200	200	138	146	177	209	278	296	187	187
SomP13	127	149	128	142	146	156	229	229	272	274	0	0
SomP14	115	143	192	194	138	148	219	233	234	272	185	189
SomP15	137	149	184	192	148	148	211	213	220	284	189	189
SomP16	127	143	182	196	146	146	213	225	214	288	187	189
SomP17	117	131	200	200	152	152	173	225	220	254	185	189
SomP18	131	151	136	198	142	146	185	213	282	288	189	189
SomP19	143	143	168	180	146	146	195	213	220	282	189	189
SomP20	129	129	128	196	146	146	209	229	272	296	187	187
SomP21	115	129	142	202	138	146	209	229	274	278	0	0
UetP01	115	133	202	202	0	0	225	225	258	258	187	187
UetP02	113	159	178	198	146	156	219	221	240	278	179	187
UetP03	103	125	188	200	142	152	213	221	220	246	189	189
UetP04	127	133	188	202	140	152	207	217	220	240	185	189
UetP05	147	161	130	186	146	146	197	219	222	272	189	189
UetP06	123	161	128	128	152	158	221	231	222	246	177	189
UetP07	153	153	130	188	146	148	221	223	220	274	187	189
UetP08	133	147	136	194	148	148	217	223	290	290	185	185
UetP09	143	151	128	186	138	148	213	233	220	288	187	187
UetP10	123	143	142	142	134	150	215	225	246	274	187	189
UetP11	129	149	182	188	144	150	215	225	272	272	187	187
UetP12	131	153	182	196	146	152	225	225	212	246	187	187
UetP13	161	161	174	188	0	0	213	213	298	322	185	189
UetP14	143	169	128	198	144	144	217	223	222	222	189	189
UetP15	93	143	130	192	146	146	227	229	220	234	187	191
UetP16	115	115	190	194	160	160	219	225	234	270	185	191
UetP17	133	159	182	186	152	152	213	221	222	222	185	185
UetP18	135	135	192	204	136	136	171	171	222	222	0	0
UetP19	121	121	0	0	0	0	205	215	246	284	185	191
UetP20	125	149	128	128	152	152	209	215	220	280	189	189

Appendix 3 – Individual membership proportions with STRUCTURE and assignments with GeneClass2

Here, results of STRUCTURE and GeneClass2 are presented at the individual level for different cluster configurations.

Table A3.1 – Individual STRUCTURE membership proportions and individual assignment scores computed with GeneClass2 for K = 2 (conditional formatting with green tones for coastal and blue tones for interior clusters) (BC = British Columbia, Canada, OR = Oregon, USA, WA = Washington, USA)

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
CaiP01	0,990	0,010	100,0	0,0
CaiP02	0,877	0,123	100,0	0,0
CaiP03	0,995	0,005	100,0	0,0
CaiP04	0,996	0,004	100,0	0,0
CaiP05	0,992	0,008	99,5	0,5
CaiP06	0,990	0,010	100,0	0,0
CaiP07	0,997	0,003	100,0	0,0
CaiP08	0,986	0,014	100,0	0,0
CaiP09	0,994	0,006	100,0	0,0
CaiP10	0,986	0,014	100,0	0,0
CaiP11	0,997	0,003	100,0	0,0
CaiP12	0,997	0,003	100,0	0,0
CaiP13	0,995	0,005	100,0	0,0
CaiP14	0,997	0,003	100,0	0,0
CaiP15	0,990	0,010	100,0	0,0
CaiP16	0,992	0,008	100,0	0,0
CaiP17	0,868	0,132	100,0	0,0
CaiP18	0,992	0,008	100,0	0,0
CaiP19	0,977	0,023	99,9	0,1
CaiP20	0,996	0,004	100,0	0,0
GesP01	0,977	0,023	100,0	0,0
GesP02	0,995	0,005	100,0	0,0
GesP03	0,997	0,003	100,0	0,0
GesP04	0,997	0,003	100,0	0,0
GesP05	0,996	0,004	100,0	0,0
GesP06	0,992	0,008	100,0	0,0
GesP07	0,997	0,003	100,0	0,0
GesP08	0,995	0,005	100,0	0,0
GesP09	0,994	0,006	100,0	0,0
GesP10	0,995	0,005	100,0	0,0
GesP11	0,982	0,018	100,0	0,0
GesP12	0,994	0,006	100,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
GesP13	0,987	0,013	100,0	0,0
GesP14	0,996	0,004	100,0	0,0
GesP15	0,996	0,004	100,0	0,0
GesP16	0,996	0,004	100,0	0,0
GesP17	0,975	0,025	100,0	0,0
GesP18	0,991	0,009	100,0	0,0
GesP19	0,995	0,005	100,0	0,0
GesP20	0,996	0,004	100,0	0,0
GrnP01	0,004	0,996	0,0	100,0
GrnP02	0,007	0,993	0,0	100,0
GrnP03	0,011	0,989	89,4	10,6
GrnP04	0,045	0,955	0,0	100,0
GrnP05	0,006	0,994	0,0	100,0
GrnP06	0,007	0,993	0,1	99,9
GrnP07	0,031	0,969	100,0	0,0
GrnP08	0,089	0,911	100,0	0,0
GrnP09	0,003	0,997	0,0	100,0
GrnP10	0,005	0,995	0,0	100,0
GrnP11	0,017	0,983	18,8	81,2
GrnP12	0,026	0,974	57,7	42,3
GrnP13	0,018	0,982	0,0	100,0
GrnP14	0,006	0,994	0,0	100,0
GrnP15	0,446	0,554	99,9	0,1
GrnP16	0,006	0,994	7,0	93,0
GrnP17	0,007	0,993	1,4	98,6
GrnP18	0,005	0,995	0,0	100,0
GrnP19	0,268	0,732	99,5	0,5
GrnP20	0,161	0,839	100,0	0,0
KunP01	0,996	0,004	100,0	0,0
KunP02	0,997	0,003	100,0	0,0
KunP03	0,996	0,004	100,0	0,0
KunP04	0,997	0,003	100,0	0,0
KunP05	0,990	0,010	100,0	0,0
KunP06	0,994	0,006	100,0	0,0
KunP07	0,996	0,004	100,0	0,0
KunP08	0,982	0,018	100,0	0,0
KunP09	0,990	0,010	100,0	0,0
KunP10	0,993	0,007	100,0	0,0
KunP11	0,996	0,004	100,0	0,0
KunP12	0,996	0,004	100,0	0,0
KunP13	0,995	0,005	100,0	0,0
KunP14	0,964	0,036	100,0	0,0
KunP15	0,948	0,052	100,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
KunP16	0,997	0,003	100,0	0,0
KunP17	0,964	0,036	100,0	0,0
KunP18	0,996	0,004	100,0	0,0
KunP19	0,997	0,003	100,0	0,0
KunP20	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP01	0,988	0,012	100,0	0,0
RueP02	0,979	0,021	100,0	0,0
RueP03	0,995	0,005	100,0	0,0
RueP04	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP05	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP06	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP07	0,886	0,114	100,0	0,0
RueP08	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP09	0,993	0,007	100,0	0,0
RueP10	0,917	0,083	100,0	0,0
RueP11	0,994	0,006	100,0	0,0
RueP12	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP13	0,991	0,009	100,0	0,0
RueP14	0,994	0,006	100,0	0,0
RueP15	0,995	0,005	100,0	0,0
RueP16	0,989	0,011	100,0	0,0
RueP17	0,996	0,004	100,0	0,0
RueP18	0,997	0,003	100,0	0,0
RueP19	0,994	0,006	100,0	0,0
RueP20	0,991	0,009	100,0	0,0
ScaP01	0,985	0,015	100,0	0,0
ScaP02	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP03	0,965	0,035	100,0	0,0
ScaP04	0,993	0,007	100,0	0,0
ScaP05	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP06	0,996	0,004	100,0	0,0
ScaP07	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP08	0,984	0,016	100,0	0,0
ScaP09	0,996	0,004	100,0	0,0
ScaP10	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP11	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP12	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP13	0,996	0,004	100,0	0,0
ScaP14	0,986	0,014	100,0	0,0
ScaP15	0,971	0,029	100,0	0,0
ScaP16	0,644	0,356	98,3	1,7
ScaP17	0,994	0,006	100,0	0,0
ScaP18	0,984	0,016	99,8	0,2

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
ScaP19	0,997	0,003	100,0	0,0
ScaP20	0,994	0,006	100,0	0,0
SomP01	0,995	0,005	100,0	0,0
SomP02	0,983	0,017	100,0	0,0
SomP03	0,997	0,003	100,0	0,0
SomP04	0,997	0,003	100,0	0,0
SomP05	0,994	0,006	100,0	0,0
SomP06	0,996	0,004	100,0	0,0
SomP07	0,997	0,003	100,0	0,0
SomP08	0,996	0,004	100,0	0,0
SomP09	0,965	0,035	100,0	0,0
SomP10	0,996	0,004	100,0	0,0
SomP11	0,997	0,003	100,0	0,0
SomP12	0,996	0,004	100,0	0,0
SomP13	0,996	0,004	100,0	0,0
SomP14	0,996	0,004	100,0	0,0
SomP15	0,981	0,019	100,0	0,0
SomP16	0,997	0,003	100,0	0,0
SomP17	0,979	0,021	100,0	0,0
SomP18	0,995	0,005	100,0	0,0
SomP19	0,987	0,013	100,0	0,0
SomP20	0,997	0,003	100,0	0,0
SomP21	0,996	0,004	100,0	0,0
UetP01	0,993	0,007	100,0	0,0
UetP02	0,985	0,015	100,0	0,0
UetP03	0,994	0,006	100,0	0,0
UetP04	0,994	0,006	100,0	0,0
UetP05	0,997	0,003	100,0	0,0
UetP06	0,997	0,003	100,0	0,0
UetP07	0,995	0,005	100,0	0,0
UetP08	0,984	0,016	90,1	9,9
UetP09	0,994	0,006	100,0	0,0
UetP10	0,995	0,005	100,0	0,0
UetP11	0,994	0,006	100,0	0,0
UetP12	0,996	0,004	100,0	0,0
UetP13	0,997	0,003	100,0	0,0
UetP14	0,992	0,008	100,0	0,0
UetP15	0,997	0,003	100,0	0,0
UetP16	0,987	0,013	100,0	0,0
UetP17	0,995	0,005	100,0	0,0
UetP18	0,997	0,003	100,0	0,0
UetP19	0,993	0,007	100,0	0,0
UetP20	0,994	0,006	100,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
R05_01	0,968	0,032	-	-
R05_02	0,976	0,024	-	-
R05_03	0,987	0,013	-	-
R05_04	0,599	0,401	-	-
R05_05	0,746	0,254	-	-
R05_06	0,995	0,005	-	-
R05_07	0,987	0,013	-	-
R05_08	0,852	0,148	-	-
R05_09	0,997	0,003	-	-
R05_10	0,986	0,014	-	-
R05_11	0,989	0,011	-	-
R05_12	0,993	0,007	-	-
R05_13	0,188	0,812	-	-
R05_14	0,966	0,034	-	-
R05_15	0,996	0,004	-	-
R05_16	0,969	0,031	-	-
R05_17	0,985	0,015	-	-
R05_18	0,751	0,249	-	-
R05_19	0,988	0,012	-	-
R05_20	0,995	0,005	-	-
R12_01	0,994	0,006	-	-
R12_02	0,993	0,007	-	-
R12_03	0,971	0,029	-	-
R12_04	0,994	0,006	-	-
R12_05	0,991	0,009	-	-
R12_06	0,976	0,024	-	-
R12_07	0,995	0,005	-	-
R12_08	0,970	0,030	-	-
R12_09	0,861	0,139	-	-
R12_10	0,986	0,014	-	-
R12_11	0,990	0,010	-	-
R12_12	0,996	0,004	-	-
R12_13	0,864	0,136	-	-
R12_14	0,994	0,006	-	-
R12_15	0,994	0,006	-	-
R12_16	0,962	0,038	-	-
R12_17	0,996	0,004	-	-
R12_18	0,987	0,013	-	-
R12_19	0,991	0,009	-	-
R12_20	0,755	0,245	-	-
R32_01	0,997	0,003	-	-
R32_02	0,988	0,012	-	-
R32_03	0,995	0,005	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
R32_04	0,997	0,003	-	-
R32_05	0,996	0,004	-	-
R32_06	0,990	0,010	-	-
R32_07	0,995	0,005	-	-
R32_08	0,993	0,007	-	-
R32_09	0,982	0,018	-	-
R32_10	0,995	0,005	-	-
R32_11	0,996	0,004	-	-
R32_12	0,995	0,005	-	-
R32_13	0,935	0,065	-	-
R32_14	0,998	0,002	-	-
R32_15	0,996	0,004	-	-
R32_17	0,994	0,006	-	-
R32_18	0,997	0,003	-	-
R32_19	0,996	0,004	-	-
R32_20	0,997	0,003	-	-
R33_02	0,022	0,978	-	-
R33_03	0,004	0,996	-	-
R33_04	0,006	0,994	-	-
R33_05	0,005	0,995	-	-
R33_06	0,005	0,995	-	-
R33_07	0,065	0,935	-	-
R33_08	0,013	0,987	-	-
R33_09	0,004	0,996	-	-
R33_10	0,055	0,945	-	-
R33_11	0,007	0,993	-	-
R33_12	0,003	0,997	-	-
R33_13	0,006	0,994	-	-
R33_14	0,005	0,995	-	-
R33_15	0,005	0,995	-	-
R33_16	0,005	0,995	-	-
R33_17	0,005	0,995	-	-
R33_19	0,007	0,993	-	-
R33_20	0,009	0,991	-	-
R38_01	0,995	0,005	-	-
R38_02	0,990	0,010	-	-
R38_03	0,997	0,003	-	-
R38_04	0,919	0,081	-	-
R38_05	0,992	0,008	-	-
R38_06	0,996	0,004	-	-
R38_07	0,973	0,027	-	-
R38_08	0,996	0,004	-	-
R38_09	0,994	0,006	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)		GeneClass2 (27.1.22)	
	Coastal	Interior	Coastal	Interior
R38_10	0,995	0,005	-	-
R38_11	0,989	0,011	-	-
R38_12	0,997	0,003	-	-
R38_13	0,980	0,020	-	-
R38_14	0,984	0,016	-	-
R38_15	0,994	0,006	-	-
R38_16	0,992	0,008	-	-
R38_17	0,971	0,029	-	-
R38_18	0,956	0,044	-	-
R38_19	0,975	0,025	-	-
R38_20	0,995	0,005	-	-
R39_01	0,004	0,996	-	-
R39_02	0,003	0,997	-	-
R39_03	0,004	0,996	-	-
R39_04	0,006	0,994	-	-
R39_05	0,006	0,994	-	-
R39_06	0,007	0,993	-	-
R39_07	0,115	0,885	-	-
R39_08	0,006	0,994	-	-
R39_09	0,005	0,995	-	-
R39_10	0,043	0,957	-	-
R39_11	0,003	0,997	-	-
R39_12	0,021	0,979	-	-
R39_13	0,005	0,995	-	-
R39_14	0,006	0,994	-	-
R39_15	0,005	0,995	-	-
R39_16	0,007	0,993	-	-
R39_17	0,005	0,995	-	-
R39_18	0,005	0,995	-	-
R39_19	0,240	0,760	-	-
R39_20	0,010	0,990	-	-

Table A3.2 – Individual STRUCTURE membership proportions and individual assignment scores computed with GeneClass2 for K = 3 (conditional formatting with green tones for coastal and blue tones for interior clusters) (BC = British Columbia, Canada, OR = Oregon, USA, WA = Washington, USA)

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
CaiP01	0,965	0,021	0,014	100,0	0,0	0,0
CaiP02	0,319	0,497	0,184	100,0	0,0	0,0
CaiP03	0,987	0,008	0,005	100,0	0,0	0,0
CaiP04	0,978	0,018	0,005	100,0	0,0	0,0
CaiP05	0,970	0,018	0,012	98,2	0,0	1,8
CaiP06	0,980	0,009	0,011	100,0	0,0	0,0
CaiP07	0,993	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0
CaiP08	0,499	0,483	0,018	100,0	0,0	0,0
CaiP09	0,956	0,037	0,007	100,0	0,0	0,0
CaiP10	0,950	0,034	0,016	100,0	0,0	0,0
CaiP11	0,992	0,005	0,003	100,0	0,0	0,0
CaiP12	0,991	0,006	0,003	100,0	0,0	0,0
CaiP13	0,990	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0
CaiP14	0,991	0,006	0,003	100,0	0,0	0,0
CaiP15	0,951	0,038	0,011	100,0	0,0	0,0
CaiP16	0,890	0,098	0,012	100,0	0,0	0,0
CaiP17	0,830	0,012	0,158	100,0	0,0	0,0
CaiP18	0,981	0,009	0,010	100,0	0,0	0,0
CaiP19	0,956	0,014	0,030	99,8	0,0	0,2
CaiP20	0,905	0,089	0,006	100,0	0,0	0,0
GesP01	0,951	0,025	0,024	100,0	0,0	0,0
GesP02	0,988	0,007	0,005	100,0	0,0	0,0
GesP03	0,989	0,008	0,003	100,0	0,0	0,0
GesP04	0,811	0,185	0,004	100,0	0,0	0,0
GesP05	0,986	0,009	0,005	100,0	0,0	0,0
GesP06	0,979	0,013	0,008	100,0	0,0	0,0
GesP07	0,988	0,008	0,003	100,0	0,0	0,0
GesP08	0,984	0,011	0,005	100,0	0,0	0,0
GesP09	0,971	0,022	0,007	100,0	0,0	0,0
GesP10	0,983	0,012	0,005	100,0	0,0	0,0
GesP11	0,918	0,058	0,024	100,0	0,0	0,0
GesP12	0,972	0,022	0,006	100,0	0,0	0,0
GesP13	0,975	0,015	0,010	100,0	0,0	0,0
GesP14	0,969	0,026	0,005	100,0	0,0	0,0
GesP15	0,984	0,011	0,004	100,0	0,0	0,0
GesP16	0,986	0,010	0,004	100,0	0,0	0,0
GesP17	0,798	0,162	0,040	100,0	0,0	0,0
GesP18	0,975	0,014	0,012	100,0	0,0	0,0
GesP19	0,951	0,043	0,006	100,0	0,0	0,0
GesP20	0,926	0,069	0,005	100,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
GrmP01	0,005	0,005	0,990	0,0	0,0	100,0
GrmP02	0,008	0,005	0,987	0,0	0,0	100,0
GrmP03	0,018	0,006	0,977	99,7	0,0	0,3
GrmP04	0,059	0,030	0,911	0,0	0,0	100,0
GrmP05	0,007	0,005	0,988	0,0	0,0	100,0
GrmP06	0,007	0,010	0,983	4,1	0,0	95,9
GrmP07	0,014	0,089	0,897	100,0	0,0	0,0
GrmP08	0,165	0,010	0,825	100,0	0,0	0,0
GrmP09	0,003	0,004	0,993	0,0	0,0	100,0
GrmP10	0,006	0,008	0,987	1,7	0,0	98,3
GrmP11	0,017	0,020	0,964	91,1	0,0	8,9
GrmP12	0,026	0,022	0,952	80,9	0,0	19,1
GrmP13	0,041	0,005	0,954	0,0	0,0	100,0
GrmP14	0,008	0,005	0,987	0,0	0,0	100,0
GrmP15	0,104	0,494	0,402	98,6	0,1	1,3
GrmP16	0,009	0,005	0,987	10,6	0,0	89,4
GrmP17	0,009	0,007	0,984	0,2	0,0	99,8
GrmP18	0,008	0,004	0,988	0,0	0,0	100,0
GrmP19	0,301	0,042	0,658	70,0	0,2	29,8
GrmP20	0,138	0,067	0,795	100,0	0,0	0,0
KunP01	0,981	0,015	0,004	100,0	0,0	0,0
KunP02	0,982	0,014	0,004	100,0	0,0	0,0
KunP03	0,985	0,011	0,004	100,0	0,0	0,0
KunP04	0,989	0,007	0,004	100,0	0,0	0,0
KunP05	0,911	0,078	0,011	100,0	0,0	0,0
KunP06	0,971	0,022	0,007	100,0	0,0	0,0
KunP07	0,984	0,012	0,005	100,0	0,0	0,0
KunP08	0,908	0,064	0,028	100,0	0,0	0,0
KunP09	0,950	0,038	0,013	100,0	0,0	0,0
KunP10	0,895	0,095	0,010	100,0	0,0	0,0
KunP11	0,989	0,007	0,004	100,0	0,0	0,0
KunP12	0,988	0,008	0,004	100,0	0,0	0,0
KunP13	0,126	0,869	0,005	100,0	0,0	0,0
KunP14	0,955	0,008	0,037	100,0	0,0	0,0
KunP15	0,936	0,019	0,045	100,0	0,0	0,0
KunP16	0,969	0,028	0,003	100,0	0,0	0,0
KunP17	0,966	0,006	0,029	100,0	0,0	0,0
KunP18	0,968	0,026	0,006	100,0	0,0	0,0
KunP19	0,992	0,005	0,003	100,0	0,0	0,0
KunP20	0,990	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0
RueP01	0,905	0,082	0,013	100,0	0,0	0,0
RueP02	0,191	0,796	0,014	100,0	0,0	0,0
RueP03	0,983	0,012	0,005	100,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
RueP04	0,981	0,014	0,005	100,0	0,0	0,0
RueP05	0,988	0,008	0,004	100,0	0,0	0,0
RueP06	0,691	0,304	0,005	100,0	0,0	0,0
RueP07	0,106	0,817	0,077	100,0	0,0	0,0
RueP08	0,990	0,007	0,004	100,0	0,0	0,0
RueP09	0,975	0,016	0,010	100,0	0,0	0,0
RueP10	0,907	0,015	0,078	100,0	0,0	0,0
RueP11	0,970	0,023	0,007	100,0	0,0	0,0
RueP12	0,586	0,409	0,005	100,0	0,0	0,0
RueP13	0,948	0,040	0,012	100,0	0,0	0,0
RueP14	0,971	0,023	0,006	100,0	0,0	0,0
RueP15	0,986	0,009	0,005	100,0	0,0	0,0
RueP16	0,981	0,008	0,011	100,0	0,0	0,0
RueP17	0,990	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0
RueP18	0,988	0,009	0,004	100,0	0,0	0,0
RueP19	0,816	0,176	0,008	100,0	0,0	0,0
RueP20	0,962	0,027	0,012	100,0	0,0	0,0
ScaP01	0,657	0,323	0,021	100,0	0,0	0,0
ScaP02	0,961	0,036	0,003	100,0	0,0	0,0
ScaP03	0,927	0,022	0,051	100,0	0,0	0,0
ScaP04	0,904	0,082	0,014	100,0	0,0	0,0
ScaP05	0,993	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0
ScaP06	0,983	0,013	0,004	100,0	0,0	0,0
ScaP07	0,507	0,489	0,004	100,0	0,0	0,0
ScaP08	0,925	0,049	0,025	100,0	0,0	0,0
ScaP09	0,973	0,022	0,005	100,0	0,0	0,0
ScaP10	0,940	0,057	0,003	99,8	0,2	0,0
ScaP11	0,978	0,020	0,003	100,0	0,0	0,0
ScaP12	0,988	0,008	0,004	100,0	0,0	0,0
ScaP13	0,987	0,009	0,004	100,0	0,0	0,0
ScaP14	0,947	0,031	0,022	100,0	0,0	0,0
ScaP15	0,331	0,644	0,025	100,0	0,0	0,0
ScaP16	0,633	0,041	0,326	0,1	0,0	99,9
ScaP17	0,956	0,038	0,006	100,0	0,0	0,0
ScaP18	0,981	0,006	0,013	100,0	0,0	0,0
ScaP19	0,991	0,005	0,004	100,0	0,0	0,0
ScaP20	0,977	0,016	0,007	100,0	0,0	0,0
SomP01	0,990	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0
SomP02	0,972	0,008	0,020	100,0	0,0	0,0
SomP03	0,920	0,075	0,005	100,0	0,0	0,0
SomP04	0,979	0,016	0,004	100,0	0,0	0,0
SomP05	0,973	0,021	0,006	100,0	0,0	0,0
SomP06	0,986	0,010	0,004	100,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
SomP07	0,960	0,036	0,003	100,0	0,0	0,0
SomP08	0,989	0,007	0,004	100,0	0,0	0,0
SomP09	0,888	0,050	0,062	100,0	0,0	0,0
SomP10	0,985	0,010	0,005	100,0	0,0	0,0
SomP11	0,990	0,006	0,003	100,0	0,0	0,0
SomP12	0,817	0,178	0,005	100,0	0,0	0,0
SomP13	0,991	0,005	0,004	100,0	0,0	0,0
SomP14	0,938	0,058	0,005	100,0	0,0	0,0
SomP15	0,944	0,023	0,033	100,0	0,0	0,0
SomP16	0,956	0,040	0,004	100,0	0,0	0,0
SomP17	0,970	0,012	0,018	100,0	0,0	0,0
SomP18	0,988	0,008	0,005	100,0	0,0	0,0
SomP19	0,982	0,006	0,012	100,0	0,0	0,0
SomP20	0,990	0,007	0,003	100,0	0,0	0,0
SomP21	0,965	0,029	0,005	100,0	0,0	0,0
UetP01	0,777	0,215	0,008	100,0	0,0	0,0
UetP02	0,095	0,888	0,018	100,0	0,0	0,0
UetP03	0,981	0,011	0,008	100,0	0,0	0,0
UetP04	0,971	0,022	0,007	100,0	0,0	0,0
UetP05	0,992	0,005	0,003	100,0	0,0	0,0
UetP06	0,990	0,007	0,003	100,0	0,0	0,0
UetP07	0,912	0,083	0,005	100,0	0,0	0,0
UetP08	0,971	0,013	0,015	99,8	0,0	0,2
UetP09	0,983	0,010	0,007	100,0	0,0	0,0
UetP10	0,987	0,008	0,005	100,0	0,0	0,0
UetP11	0,983	0,010	0,007	100,0	0,0	0,0
UetP12	0,989	0,007	0,004	100,0	0,0	0,0
UetP13	0,988	0,009	0,003	100,0	0,0	0,0
UetP14	0,981	0,010	0,010	100,0	0,0	0,0
UetP15	0,988	0,009	0,003	100,0	0,0	0,0
UetP16	0,045	0,946	0,009	100,0	0,0	0,0
UetP17	0,960	0,034	0,006	100,0	0,0	0,0
UetP18	0,985	0,012	0,003	100,0	0,0	0,0
UetP19	0,889	0,102	0,009	100,0	0,0	0,0
UetP20	0,980	0,012	0,008	100,0	0,0	0,0
R05_01	0,591	0,373	0,037	-	-	-
R05_02	0,086	0,901	0,013	-	-	-
R05_03	0,080	0,905	0,015	-	-	-
R05_04	0,342	0,254	0,404	-	-	-
R05_05	0,637	0,070	0,293	-	-	-
R05_06	0,940	0,055	0,005	-	-	-
R05_07	0,011	0,981	0,009	-	-	-
R05_08	0,354	0,480	0,166	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
R05_09	0,707	0,289	0,004	-	-	-
R05_10	0,127	0,860	0,014	-	-	-
R05_11	0,915	0,070	0,015	-	-	-
R05_12	0,973	0,019	0,008	-	-	-
R05_13	0,296	0,023	0,681	-	-	-
R05_14	0,814	0,106	0,079	-	-	-
R05_15	0,892	0,102	0,006	-	-	-
R05_16	0,009	0,984	0,007	-	-	-
R05_17	0,969	0,018	0,013	-	-	-
R05_18	0,230	0,598	0,172	-	-	-
R05_19	0,961	0,020	0,019	-	-	-
R05_20	0,911	0,082	0,007	-	-	-
R12_01	0,135	0,859	0,007	-	-	-
R12_02	0,027	0,968	0,005	-	-	-
R12_03	0,054	0,931	0,015	-	-	-
R12_04	0,117	0,878	0,006	-	-	-
R12_05	0,059	0,933	0,008	-	-	-
R12_06	0,024	0,967	0,009	-	-	-
R12_07	0,934	0,060	0,006	-	-	-
R12_08	0,055	0,931	0,015	-	-	-
R12_09	0,068	0,868	0,065	-	-	-
R12_10	0,015	0,968	0,017	-	-	-
R12_11	0,127	0,866	0,008	-	-	-
R12_12	0,045	0,949	0,006	-	-	-
R12_13	0,136	0,639	0,225	-	-	-
R12_14	0,004	0,993	0,003	-	-	-
R12_15	0,677	0,312	0,011	-	-	-
R12_16	0,008	0,981	0,011	-	-	-
R12_17	0,135	0,861	0,004	-	-	-
R12_18	0,660	0,325	0,015	-	-	-
R12_19	0,075	0,912	0,013	-	-	-
R12_20	0,147	0,671	0,182	-	-	-
R32_01	0,190	0,806	0,005	-	-	-
R32_02	0,961	0,027	0,011	-	-	-
R32_03	0,959	0,031	0,010	-	-	-
R32_04	0,481	0,516	0,004	-	-	-
R32_05	0,983	0,013	0,004	-	-	-
R32_06	0,576	0,412	0,012	-	-	-
R32_07	0,868	0,126	0,006	-	-	-
R32_08	0,863	0,128	0,009	-	-	-
R32_09	0,954	0,025	0,021	-	-	-
R32_10	0,958	0,035	0,006	-	-	-
R32_11	0,433	0,562	0,006	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
R32_12	0,970	0,023	0,007	-	-	-
R32_13	0,720	0,175	0,105	-	-	-
R32_14	0,989	0,008	0,003	-	-	-
R32_15	0,969	0,027	0,004	-	-	-
R32_17	0,975	0,017	0,008	-	-	-
R32_18	0,541	0,456	0,003	-	-	-
R32_19	0,662	0,333	0,006	-	-	-
R32_20	0,987	0,010	0,003	-	-	-
R33_02	0,012	0,116	0,872	-	-	-
R33_03	0,005	0,005	0,990	-	-	-
R33_04	0,007	0,008	0,985	-	-	-
R33_05	0,004	0,009	0,987	-	-	-
R33_06	0,007	0,005	0,988	-	-	-
R33_07	0,095	0,059	0,846	-	-	-
R33_08	0,012	0,029	0,959	-	-	-
R33_09	0,006	0,003	0,991	-	-	-
R33_10	0,059	0,027	0,915	-	-	-
R33_11	0,013	0,004	0,983	-	-	-
R33_12	0,003	0,007	0,990	-	-	-
R33_13	0,006	0,010	0,984	-	-	-
R33_14	0,008	0,003	0,989	-	-	-
R33_15	0,008	0,003	0,988	-	-	-
R33_16	0,004	0,012	0,984	-	-	-
R33_17	0,005	0,004	0,991	-	-	-
R33_19	0,007	0,012	0,980	-	-	-
R33_20	0,012	0,006	0,982	-	-	-
R38_01	0,004	0,993	0,003	-	-	-
R38_02	0,019	0,973	0,008	-	-	-
R38_03	0,031	0,966	0,003	-	-	-
R38_04	0,006	0,978	0,017	-	-	-
R38_05	0,012	0,981	0,007	-	-	-
R38_06	0,005	0,991	0,004	-	-	-
R38_07	0,012	0,980	0,008	-	-	-
R38_08	0,007	0,990	0,003	-	-	-
R38_09	0,007	0,989	0,004	-	-	-
R38_10	0,004	0,993	0,003	-	-	-
R38_11	0,005	0,991	0,004	-	-	-
R38_12	0,012	0,984	0,004	-	-	-
R38_13	0,007	0,982	0,011	-	-	-
R38_14	0,007	0,984	0,009	-	-	-
R38_15	0,008	0,987	0,005	-	-	-
R38_16	0,004	0,992	0,004	-	-	-
R38_17	0,004	0,984	0,012	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)			GeneClass2 (27.1.22)		
	R05+32	R12+38	Interior	Oth. coastal	BC-coastal	Interior
R38_18	0,005	0,987	0,008	-	-	-
R38_19	0,005	0,989	0,006	-	-	-
R38_20	0,005	0,991	0,004	-	-	-
R39_01	0,003	0,009	0,988	-	-	-
R39_02	0,004	0,004	0,992	-	-	-
R39_03	0,005	0,005	0,990	-	-	-
R39_04	0,004	0,057	0,939	-	-	-
R39_05	0,006	0,011	0,983	-	-	-
R39_06	0,007	0,012	0,982	-	-	-
R39_07	0,124	0,044	0,832	-	-	-
R39_08	0,006	0,015	0,979	-	-	-
R39_09	0,006	0,006	0,988	-	-	-
R39_10	0,028	0,104	0,868	-	-	-
R39_11	0,003	0,007	0,990	-	-	-
R39_12	0,019	0,049	0,933	-	-	-
R39_13	0,003	0,047	0,950	-	-	-
R39_14	0,005	0,011	0,984	-	-	-
R39_15	0,005	0,008	0,987	-	-	-
R39_16	0,012	0,005	0,983	-	-	-
R39_17	0,004	0,013	0,983	-	-	-
R39_18	0,005	0,009	0,986	-	-	-
R39_19	0,040	0,536	0,424	-	-	-
R39_20	0,007	0,025	0,968	-	-	-

Table A3.3 – Individual STRUCTURE membership proportions and individual assignment scores computed with GeneClass2 for K = 4 (conditional formatting with green tones for coastal and blue tones for interior clusters) (BC = British Columbia, Canada, OR = Oregon, USA, WA = Washington, USA)

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
CaiP01	0,960	0,018	0,009	0,013	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP02	0,355	0,479	0,128	0,039	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP03	0,986	0,006	0,005	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP04	0,978	0,014	0,004	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP05	0,961	0,014	0,007	0,018	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP06	0,963	0,006	0,003	0,028	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP07	0,992	0,003	0,003	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP08	0,540	0,423	0,010	0,027	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP09	0,953	0,034	0,008	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP10	0,954	0,023	0,009	0,014	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP11	0,991	0,004	0,003	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP12	0,990	0,005	0,003	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP13	0,986	0,005	0,006	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP14	0,989	0,004	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP15	0,958	0,023	0,010	0,010	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP16	0,900	0,084	0,009	0,008	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP17	0,850	0,011	0,125	0,014	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP18	0,975	0,008	0,005	0,012	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP19	0,939	0,011	0,044	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP20	0,909	0,081	0,005	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP01	0,944	0,025	0,020	0,011	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP02	0,987	0,005	0,004	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP03	0,988	0,006	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP04	0,783	0,209	0,003	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP05	0,982	0,008	0,004	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP06	0,969	0,011	0,019	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP07	0,987	0,006	0,003	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP08	0,981	0,010	0,006	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP09	0,968	0,014	0,006	0,012	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP10	0,982	0,010	0,005	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP11	0,910	0,051	0,023	0,016	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP12	0,973	0,017	0,008	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP13	0,968	0,014	0,015	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP14	0,975	0,015	0,005	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP15	0,982	0,010	0,004	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP16	0,982	0,010	0,003	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP17	0,846	0,107	0,028	0,018	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP18	0,922	0,009	0,005	0,063	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP19	0,925	0,065	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
GesP20	0,935	0,056	0,005	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
GrnP01	0,004	0,004	0,989	0,004	0,0	0,6	58,6	40,9
GrnP02	0,008	0,006	0,928	0,059	2,0	0,0	95,8	2,2
GrnP03	0,007	0,004	0,955	0,034	99,4	0,0	0,6	0,0
GrnP04	0,015	0,014	0,966	0,004	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP05	0,006	0,005	0,960	0,029	0,0	0,0	100,0	0,0
GrnP06	0,005	0,009	0,966	0,020	99,0	0,0	0,7	0,3
GrnP07	0,007	0,031	0,958	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
GrnP08	0,044	0,006	0,946	0,004	99,0	0,0	0,0	1,0
GrnP09	0,004	0,007	0,966	0,023	0,0	0,0	94,3	5,7
GrnP10	0,003	0,004	0,991	0,002	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP11	0,007	0,010	0,967	0,017	12,6	0,0	0,0	87,4
GrnP12	0,013	0,009	0,971	0,007	96,6	0,0	0,9	2,5
GrnP13	0,020	0,003	0,973	0,004	0,0	0,0	1,0	99,0
GrnP14	0,007	0,004	0,986	0,004	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP15	0,092	0,530	0,265	0,113	99,3	0,1	0,6	0,0
GrnP16	0,006	0,003	0,987	0,003	98,9	0,0	0,1	1,0
GrnP17	0,009	0,006	0,959	0,026	0,8	0,0	0,1	99,1
GrnP18	0,005	0,003	0,988	0,004	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP19	0,052	0,012	0,930	0,005	0,8	0,0	0,0	99,2
GrnP20	0,036	0,027	0,933	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP01	0,979	0,014	0,005	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP02	0,982	0,012	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP03	0,982	0,011	0,006	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP04	0,989	0,004	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP05	0,926	0,052	0,016	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP06	0,969	0,017	0,003	0,010	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP07	0,981	0,010	0,007	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP08	0,924	0,035	0,035	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP09	0,960	0,020	0,014	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP10	0,876	0,106	0,013	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP11	0,986	0,007	0,004	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP12	0,987	0,007	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP13	0,136	0,854	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP14	0,864	0,006	0,127	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP15	0,909	0,014	0,068	0,008	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP16	0,977	0,017	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP17	0,965	0,005	0,013	0,017	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP18	0,965	0,024	0,007	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP19	0,991	0,004	0,002	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP20	0,988	0,005	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP01	0,856	0,031	0,004	0,109	100,0	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
RueP02	0,242	0,683	0,005	0,070	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP03	0,980	0,011	0,005	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP04	0,979	0,012	0,004	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP05	0,986	0,006	0,004	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP06	0,702	0,289	0,006	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP07	0,143	0,740	0,113	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP08	0,988	0,006	0,004	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP09	0,973	0,012	0,011	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP10	0,903	0,011	0,069	0,017	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP11	0,965	0,016	0,014	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP12	0,534	0,456	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP13	0,949	0,031	0,008	0,012	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP14	0,970	0,019	0,005	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP15	0,985	0,007	0,004	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP16	0,968	0,007	0,005	0,019	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP17	0,987	0,006	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP18	0,987	0,007	0,004	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP19	0,872	0,108	0,010	0,010	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP20	0,957	0,024	0,015	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP01	0,664	0,295	0,035	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP02	0,957	0,037	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP03	0,908	0,019	0,058	0,016	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP04	0,901	0,068	0,007	0,024	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP05	0,992	0,003	0,003	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP06	0,981	0,012	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP07	0,481	0,512	0,005	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP08	0,931	0,037	0,025	0,007	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP09	0,975	0,017	0,004	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP10	0,940	0,054	0,003	0,002	99,8	0,2	0,0	0,0
ScaP11	0,978	0,016	0,004	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP12	0,986	0,007	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP13	0,984	0,009	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP14	0,948	0,027	0,017	0,007	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP15	0,435	0,387	0,012	0,167	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP16	0,222	0,028	0,744	0,006	0,0	0,0	0,0	100,0
ScaP17	0,960	0,030	0,009	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP18	0,962	0,005	0,007	0,026	99,9	0,0	0,1	0,0
ScaP19	0,988	0,004	0,003	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP20	0,973	0,015	0,009	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP01	0,989	0,004	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP02	0,961	0,007	0,026	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP03	0,909	0,083	0,004	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
SomP04	0,976	0,015	0,003	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP05	0,971	0,017	0,004	0,008	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP06	0,985	0,008	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP07	0,967	0,026	0,003	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP08	0,987	0,006	0,005	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP09	0,698	0,035	0,264	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP10	0,980	0,010	0,005	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP11	0,988	0,005	0,003	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP12	0,847	0,143	0,005	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP13	0,988	0,005	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP14	0,931	0,061	0,006	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP15	0,905	0,017	0,076	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP16	0,955	0,038	0,005	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP17	0,944	0,010	0,041	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP18	0,984	0,007	0,004	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP19	0,979	0,005	0,013	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP20	0,989	0,006	0,003	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP21	0,962	0,028	0,006	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP01	0,854	0,130	0,007	0,008	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP02	0,090	0,829	0,078	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP03	0,977	0,010	0,005	0,008	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP04	0,968	0,020	0,006	0,007	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP05	0,991	0,004	0,003	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP06	0,987	0,006	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP07	0,895	0,097	0,005	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP08	0,955	0,011	0,029	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP09	0,977	0,010	0,008	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP10	0,985	0,006	0,007	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP11	0,979	0,009	0,005	0,007	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP12	0,987	0,006	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP13	0,987	0,007	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP14	0,977	0,008	0,013	0,002	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP15	0,986	0,008	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP16	0,075	0,908	0,011	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP17	0,960	0,031	0,005	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP18	0,981	0,013	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP19	0,917	0,067	0,013	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP20	0,976	0,010	0,010	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0
R05_01	0,651	0,239	0,020	0,090	-	-	-	-
R05_02	0,113	0,845	0,005	0,037	-	-	-	-
R05_03	0,158	0,811	0,016	0,016	-	-	-	-
R05_04	0,309	0,284	0,370	0,038	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
R05_05	0,633	0,059	0,299	0,010	-	-	-	-
R05_06	0,934	0,056	0,007	0,003	-	-	-	-
R05_07	0,010	0,977	0,008	0,005	-	-	-	-
R05_08	0,348	0,526	0,049	0,078	-	-	-	-
R05_09	0,657	0,336	0,005	0,003	-	-	-	-
R05_10	0,105	0,874	0,012	0,009	-	-	-	-
R05_11	0,913	0,061	0,020	0,005	-	-	-	-
R05_12	0,966	0,017	0,013	0,004	-	-	-	-
R05_13	0,483	0,021	0,144	0,352	-	-	-	-
R05_14	0,830	0,067	0,089	0,014	-	-	-	-
R05_15	0,929	0,040	0,003	0,028	-	-	-	-
R05_16	0,009	0,975	0,005	0,011	-	-	-	-
R05_17	0,956	0,018	0,019	0,006	-	-	-	-
R05_18	0,449	0,278	0,007	0,266	-	-	-	-
R05_19	0,959	0,016	0,019	0,006	-	-	-	-
R05_20	0,891	0,095	0,005	0,009	-	-	-	-
R12_01	0,190	0,799	0,007	0,005	-	-	-	-
R12_02	0,039	0,951	0,005	0,005	-	-	-	-
R12_03	0,062	0,903	0,031	0,004	-	-	-	-
R12_04	0,188	0,800	0,007	0,005	-	-	-	-
R12_05	0,083	0,902	0,008	0,007	-	-	-	-
R12_06	0,026	0,957	0,009	0,008	-	-	-	-
R12_07	0,928	0,062	0,007	0,004	-	-	-	-
R12_08	0,083	0,886	0,025	0,005	-	-	-	-
R12_09	0,179	0,598	0,017	0,206	-	-	-	-
R12_10	0,012	0,943	0,011	0,034	-	-	-	-
R12_11	0,190	0,773	0,005	0,032	-	-	-	-
R12_12	0,043	0,947	0,006	0,004	-	-	-	-
R12_13	0,090	0,494	0,409	0,007	-	-	-	-
R12_14	0,003	0,990	0,003	0,004	-	-	-	-
R12_15	0,721	0,235	0,005	0,039	-	-	-	-
R12_16	0,007	0,917	0,004	0,071	-	-	-	-
R12_17	0,186	0,804	0,003	0,007	-	-	-	-
R12_18	0,724	0,228	0,006	0,042	-	-	-	-
R12_19	0,109	0,868	0,011	0,012	-	-	-	-
R12_20	0,314	0,442	0,020	0,224	-	-	-	-
R32_01	0,293	0,697	0,004	0,007	-	-	-	-
R32_02	0,966	0,013	0,009	0,012	-	-	-	-
R32_03	0,952	0,026	0,020	0,002	-	-	-	-
R32_04	0,623	0,370	0,004	0,003	-	-	-	-
R32_05	0,985	0,009	0,004	0,002	-	-	-	-
R32_06	0,688	0,272	0,004	0,036	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
R32_07	0,872	0,113	0,004	0,011	-	-	-	-
R32_08	0,897	0,078	0,021	0,003	-	-	-	-
R32_09	0,953	0,020	0,021	0,006	-	-	-	-
R32_10	0,964	0,022	0,004	0,011	-	-	-	-
R32_11	0,526	0,465	0,005	0,004	-	-	-	-
R32_12	0,966	0,020	0,004	0,010	-	-	-	-
R32_13	0,750	0,145	0,053	0,053	-	-	-	-
R32_14	0,988	0,007	0,003	0,002	-	-	-	-
R32_15	0,969	0,024	0,005	0,002	-	-	-	-
R32_17	0,967	0,018	0,012	0,003	-	-	-	-
R32_18	0,671	0,323	0,003	0,003	-	-	-	-
R32_19	0,676	0,313	0,004	0,006	-	-	-	-
R32_20	0,987	0,008	0,002	0,003	-	-	-	-
R33_02	0,009	0,046	0,930	0,015	-	-	-	-
R33_03	0,003	0,003	0,991	0,003	-	-	-	-
R33_04	0,006	0,006	0,949	0,039	-	-	-	-
R33_05	0,003	0,006	0,970	0,021	-	-	-	-
R33_06	0,007	0,004	0,516	0,473	-	-	-	-
R33_07	0,026	0,013	0,957	0,004	-	-	-	-
R33_08	0,009	0,019	0,963	0,009	-	-	-	-
R33_09	0,004	0,003	0,988	0,004	-	-	-	-
R33_10	0,013	0,011	0,973	0,003	-	-	-	-
R33_11	0,006	0,003	0,982	0,009	-	-	-	-
R33_12	0,002	0,005	0,990	0,004	-	-	-	-
R33_13	0,004	0,008	0,963	0,024	-	-	-	-
R33_14	0,006	0,003	0,964	0,028	-	-	-	-
R33_15	0,006	0,003	0,947	0,044	-	-	-	-
R33_16	0,003	0,012	0,914	0,071	-	-	-	-
R33_17	0,004	0,003	0,986	0,007	-	-	-	-
R33_19	0,004	0,006	0,985	0,005	-	-	-	-
R33_20	0,011	0,007	0,972	0,010	-	-	-	-
R38_01	0,003	0,992	0,002	0,003	-	-	-	-
R38_02	0,017	0,969	0,009	0,005	-	-	-	-
R38_03	0,028	0,967	0,003	0,003	-	-	-	-
R38_04	0,005	0,948	0,008	0,039	-	-	-	-
R38_05	0,010	0,977	0,005	0,008	-	-	-	-
R38_06	0,005	0,988	0,004	0,003	-	-	-	-
R38_07	0,009	0,976	0,005	0,010	-	-	-	-
R38_08	0,005	0,988	0,003	0,003	-	-	-	-
R38_09	0,006	0,987	0,004	0,003	-	-	-	-
R38_10	0,003	0,990	0,003	0,004	-	-	-	-
R38_11	0,004	0,987	0,003	0,006	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.22)				GeneClass2 (27.1.22)			
	R05+32	R12	BC-interior	Montana	Other coast.	BC-coastal	BC-interior	Montana
R38_12	0,011	0,982	0,003	0,004	-	-	-	-
R38_13	0,006	0,981	0,010	0,003	-	-	-	-
R38_14	0,006	0,981	0,005	0,008	-	-	-	-
R38_15	0,007	0,984	0,004	0,005	-	-	-	-
R38_16	0,003	0,990	0,004	0,003	-	-	-	-
R38_17	0,004	0,982	0,008	0,006	-	-	-	-
R38_18	0,004	0,947	0,003	0,046	-	-	-	-
R38_19	0,004	0,982	0,005	0,008	-	-	-	-
R38_20	0,004	0,987	0,004	0,005	-	-	-	-
R39_01	0,002	0,004	0,003	0,991	-	-	-	-
R39_02	0,004	0,003	0,008	0,984	-	-	-	-
R39_03	0,009	0,004	0,115	0,871	-	-	-	-
R39_04	0,003	0,042	0,022	0,933	-	-	-	-
R39_05	0,003	0,004	0,003	0,990	-	-	-	-
R39_06	0,006	0,006	0,004	0,984	-	-	-	-
R39_07	0,117	0,009	0,010	0,865	-	-	-	-
R39_08	0,015	0,032	0,017	0,937	-	-	-	-
R39_09	0,006	0,004	0,004	0,987	-	-	-	-
R39_10	0,035	0,072	0,017	0,875	-	-	-	-
R39_11	0,003	0,007	0,374	0,616	-	-	-	-
R39_12	0,009	0,007	0,009	0,975	-	-	-	-
R39_13	0,003	0,015	0,003	0,979	-	-	-	-
R39_14	0,005	0,008	0,119	0,868	-	-	-	-
R39_15	0,004	0,004	0,004	0,988	-	-	-	-
R39_16	0,013	0,004	0,008	0,975	-	-	-	-
R39_17	0,003	0,004	0,003	0,990	-	-	-	-
R39_18	0,005	0,005	0,016	0,974	-	-	-	-
R39_19	0,058	0,294	0,025	0,623	-	-	-	-
R39_20	0,004	0,007	0,003	0,986	-	-	-	-

Table A3.4 – Individual STRUCTURE membership proportions and individual assignment scores computed with GeneClass2 for K = 5 (conditional formatting with green tones for coastal and blue tones for interior clusters) (BC = British Columbia, Canada, OR = Oregon, USA, WA = Washington, USA)

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)					R12	GeneClass2 (27.1.2022)			
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana		R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
CaiP01	0,945	0,027	0,008	0,010	0,010	6,1	93,9	0,0	0,0	0,0
CaiP02	0,007	0,958	0,004	0,012	0,019	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CaiP03	0,974	0,012	0,004	0,003	0,007	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP04	0,123	0,862	0,007	0,005	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP05	0,840	0,126	0,005	0,021	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP06	0,945	0,014	0,004	0,034	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP07	0,988	0,004	0,003	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP08	0,770	0,144	0,011	0,066	0,009	0,2	99,8	0,0	0,0	0,0
CaiP09	0,605	0,376	0,005	0,005	0,009	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP10	0,938	0,031	0,006	0,017	0,008	99,8	0,2	0,0	0,0	0,0
CaiP11	0,965	0,026	0,003	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP12	0,986	0,005	0,003	0,002	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP13	0,921	0,065	0,005	0,002	0,007	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP14	0,505	0,484	0,003	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP15	0,958	0,015	0,008	0,009	0,010	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP16	0,833	0,080	0,067	0,009	0,011	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP17	0,836	0,014	0,014	0,017	0,119	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP18	0,967	0,009	0,005	0,015	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP19	0,572	0,379	0,006	0,005	0,039	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP20	0,903	0,072	0,015	0,005	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP01	0,883	0,086	0,004	0,010	0,016	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP02	0,436	0,547	0,005	0,004	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP03	0,959	0,031	0,005	0,003	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP04	0,415	0,120	0,457	0,005	0,003	0,0	69,2	30,8	0,0	0,0
GesP05	0,792	0,193	0,005	0,006	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP06	0,972	0,010	0,003	0,002	0,012	1,5	98,5	0,0	0,0	0,0
GesP07	0,965	0,025	0,003	0,005	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP08	0,975	0,011	0,005	0,003	0,005	3,3	96,7	0,0	0,0	0,0
GesP09	0,956	0,019	0,007	0,013	0,005	68,4	31,6	0,0	0,0	0,0
GesP10	0,939	0,048	0,005	0,003	0,004	99,8	0,2	0,0	0,0	0,0
GesP11	0,794	0,148	0,017	0,016	0,025	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP12	0,886	0,074	0,027	0,003	0,009	36,8	63,2	0,0	0,0	0,0
GesP13	0,876	0,095	0,009	0,004	0,015	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
GesP14	0,416	0,567	0,007	0,005	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
GesP15	0,353	0,608	0,031	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP16	0,804	0,172	0,015	0,006	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP17	0,913	0,039	0,008	0,022	0,019	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP18	0,920	0,008	0,011	0,056	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP19	0,463	0,468	0,057	0,004	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)			
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana	R12	R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
GesP20	0,906	0,078	0,006	0,005	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GrnP01	0,004	0,004	0,004	0,004	0,984	0,0	0,0	0,6	58,6	40,8
GrnP02	0,006	0,020	0,003	0,070	0,902	0,0	20,0	0,0	78,2	1,8
GrnP03	0,006	0,011	0,003	0,040	0,939	98,6	0,0	0,0	1,3	0,0
GrnP04	0,019	0,006	0,033	0,004	0,938	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP05	0,006	0,011	0,003	0,040	0,940	1,3	0,0	0,0	98,7	0,0
GrnP06	0,008	0,007	0,003	0,022	0,960	0,1	18,6	0,0	56,2	25,2
GrnP07	0,009	0,035	0,003	0,005	0,947	99,9	0,1	0,0	0,0	0,0
GrnP08	0,030	0,024	0,005	0,004	0,937	1,0	0,0	0,0	0,0	99,0
GrnP09	0,004	0,005	0,010	0,040	0,942	0,0	0,0	0,0	94,3	5,7
GrnP10	0,003	0,004	0,003	0,002	0,988	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP11	0,009	0,011	0,005	0,022	0,952	0,0	86,2	0,0	0,0	13,8
GrnP12	0,016	0,006	0,010	0,006	0,962	0,0	85,0	0,0	3,9	11,1
GrnP13	0,028	0,005	0,002	0,004	0,961	0,0	0,0	0,0	1,0	99,0
GrnP14	0,007	0,005	0,002	0,003	0,983	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP15	0,064	0,312	0,141	0,239	0,244	89,1	1,4	1,5	8,1	0,0
GrnP16	0,007	0,004	0,003	0,003	0,982	0,0	99,6	0,0	0,0	0,4
GrnP17	0,010	0,007	0,005	0,023	0,955	0,0	0,0	0,0	0,1	99,8
GrnP18	0,005	0,004	0,002	0,004	0,984	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrnP19	0,064	0,048	0,005	0,005	0,877	0,0	1,3	0,0	0,0	98,7
GrnP20	0,049	0,044	0,016	0,005	0,886	0,3	99,7	0,0	0,0	0,0
KunP01	0,940	0,045	0,008	0,002	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP02	0,970	0,014	0,010	0,003	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP03	0,970	0,011	0,012	0,002	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP04	0,659	0,330	0,003	0,003	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP05	0,947	0,021	0,015	0,007	0,010	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP06	0,956	0,021	0,011	0,009	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP07	0,653	0,332	0,006	0,003	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP08	0,415	0,553	0,007	0,005	0,020	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP09	0,973	0,010	0,004	0,006	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP10	0,518	0,454	0,009	0,006	0,014	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP11	0,753	0,234	0,006	0,002	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP12	0,941	0,049	0,004	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP13	0,015	0,759	0,215	0,005	0,005	1,3	98,7	0,0	0,0	0,0
KunP14	0,674	0,187	0,003	0,003	0,133	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP15	0,916	0,021	0,005	0,007	0,051	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP16	0,965	0,021	0,009	0,003	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP17	0,905	0,064	0,003	0,016	0,012	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP18	0,972	0,007	0,013	0,003	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP19	0,984	0,007	0,002	0,004	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP20	0,981	0,009	0,004	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP01	0,234	0,635	0,011	0,115	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)					GeneClass2 (27.1.2022)				
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana	R12	R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
RueP02	0,296	0,555	0,061	0,084	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP03	0,952	0,021	0,016	0,005	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP04	0,974	0,009	0,009	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP05	0,076	0,906	0,007	0,006	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP06	0,027	0,960	0,007	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
RueP07	0,829	0,009	0,017	0,005	0,139	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP08	0,969	0,017	0,006	0,003	0,005	0,7	99,3	0,0	0,0	0,0
RueP09	0,946	0,027	0,011	0,004	0,013	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP10	0,921	0,011	0,005	0,014	0,049	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP11	0,979	0,007	0,004	0,003	0,007	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP12	0,777	0,096	0,118	0,003	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP13	0,925	0,055	0,004	0,010	0,007	5,0	95,0	0,0	0,0	0,0
RueP14	0,959	0,013	0,016	0,007	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP15	0,978	0,009	0,005	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP16	0,331	0,619	0,005	0,038	0,006	0,1	99,9	0,0	0,0	0,0
RueP17	0,969	0,013	0,010	0,003	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP18	0,948	0,043	0,004	0,003	0,004	2,9	97,1	0,0	0,0	0,0
RueP19	0,961	0,011	0,015	0,007	0,007	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
RueP20	0,762	0,203	0,014	0,005	0,016	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP01	0,027	0,930	0,022	0,007	0,015	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP02	0,005	0,986	0,005	0,002	0,002	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP03	0,754	0,167	0,012	0,016	0,051	99,5	0,5	0,0	0,0	0,0
ScaP04	0,360	0,567	0,044	0,021	0,009	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP05	0,022	0,970	0,003	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP06	0,013	0,975	0,003	0,002	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP07	0,008	0,949	0,038	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP08	0,910	0,042	0,018	0,007	0,024	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP09	0,013	0,976	0,003	0,004	0,004	99,1	0,9	0,0	0,0	0,0
ScaP10	0,039	0,944	0,010	0,002	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP11	0,959	0,030	0,005	0,002	0,004	0,1	99,9	0,0	0,0	0,0
ScaP12	0,029	0,956	0,008	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP13	0,007	0,982	0,003	0,003	0,004	2,3	97,7	0,0	0,0	0,0
ScaP14	0,005	0,981	0,003	0,005	0,007	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP15	0,559	0,135	0,007	0,287	0,012	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP16	0,139	0,096	0,029	0,006	0,730	0,0	0,6	0,0	0,0	99,4
ScaP17	0,013	0,973	0,007	0,002	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP18	0,930	0,022	0,004	0,036	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP19	0,013	0,979	0,003	0,003	0,002	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP20	0,018	0,966	0,008	0,003	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP01	0,591	0,396	0,004	0,003	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP02	0,785	0,154	0,008	0,005	0,048	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP03	0,900	0,051	0,043	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)					R12	GeneClass2 (27.1.2022)			
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana		R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
SomP04	0,855	0,117	0,018	0,006	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP05	0,965	0,020	0,003	0,008	0,004	61,3	38,7	0,0	0,0	0,0
SomP06	0,982	0,007	0,004	0,003	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP07	0,040	0,948	0,006	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SomP08	0,879	0,108	0,004	0,003	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP09	0,660	0,133	0,010	0,003	0,195	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP10	0,968	0,013	0,008	0,007	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP11	0,909	0,081	0,003	0,004	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP12	0,951	0,007	0,034	0,005	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP13	0,860	0,128	0,004	0,003	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP14	0,943	0,032	0,018	0,003	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP15	0,889	0,057	0,004	0,003	0,047	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP16	0,841	0,114	0,038	0,002	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP17	0,916	0,032	0,007	0,004	0,040	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP18	0,947	0,036	0,008	0,005	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP19	0,944	0,034	0,004	0,004	0,015	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP20	0,975	0,014	0,006	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP21	0,916	0,053	0,022	0,004	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP01	0,311	0,582	0,092	0,008	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP02	0,561	0,188	0,141	0,003	0,107	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP03	0,967	0,009	0,009	0,009	0,006	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP04	0,102	0,875	0,010	0,007	0,007	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP05	0,981	0,010	0,004	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP06	0,979	0,009	0,006	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP07	0,333	0,648	0,009	0,004	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP08	0,611	0,333	0,005	0,007	0,045	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP09	0,740	0,237	0,006	0,005	0,012	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP10	0,977	0,008	0,006	0,003	0,007	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP11	0,961	0,021	0,007	0,006	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP12	0,984	0,006	0,003	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP13	0,961	0,026	0,006	0,003	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP14	0,965	0,015	0,006	0,002	0,012	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP15	0,346	0,642	0,006	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP16	0,037	0,895	0,048	0,008	0,012	57,5	42,5	0,0	0,0	0,0
UetP17	0,930	0,037	0,024	0,004	0,005	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP18	0,036	0,947	0,012	0,002	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP19	0,240	0,734	0,010	0,004	0,011	71,8	28,2	0,0	0,0	0,0
UetP20	0,970	0,014	0,004	0,004	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
R05_01	0,676	0,135	0,056	0,113	0,021	-	-	-	-	-
R05_02	0,006	0,954	0,009	0,028	0,004	-	-	-	-	-
R05_03	0,011	0,973	0,003	0,006	0,007	-	-	-	-	-
R05_04	0,219	0,222	0,085	0,037	0,437	-	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)					R12	GeneClass2 (27.1.2022)			
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana		R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
R05_05	0,217	0,538	0,016	0,011	0,217	-	-	-	-	-
R05_06	0,731	0,224	0,035	0,003	0,008	-	-	-	-	-
R05_07	0,004	0,707	0,276	0,007	0,005	-	-	-	-	-
R05_08	0,111	0,690	0,078	0,076	0,044	-	-	-	-	-
R05_09	0,019	0,970	0,005	0,002	0,004	-	-	-	-	-
R05_10	0,302	0,284	0,385	0,010	0,018	-	-	-	-	-
R05_11	0,357	0,537	0,080	0,006	0,020	-	-	-	-	-
R05_12	0,012	0,974	0,004	0,004	0,006	-	-	-	-	-
R05_13	0,534	0,040	0,003	0,296	0,126	-	-	-	-	-
R05_14	0,036	0,925	0,009	0,008	0,022	-	-	-	-	-
R05_15	0,289	0,687	0,004	0,017	0,003	-	-	-	-	-
R05_16	0,016	0,917	0,036	0,024	0,007	-	-	-	-	-
R05_17	0,261	0,672	0,009	0,007	0,050	-	-	-	-	-
R05_18	0,033	0,713	0,008	0,241	0,006	-	-	-	-	-
R05_19	0,105	0,870	0,009	0,006	0,010	-	-	-	-	-
R05_20	0,078	0,846	0,065	0,006	0,005	-	-	-	-	-
R12_01	0,009	0,977	0,007	0,004	0,004	-	-	-	-	-
R12_02	0,027	0,935	0,025	0,006	0,007	-	-	-	-	-
R12_03	0,169	0,719	0,031	0,009	0,071	-	-	-	-	-
R12_04	0,006	0,984	0,003	0,004	0,004	-	-	-	-	-
R12_05	0,007	0,975	0,009	0,005	0,004	-	-	-	-	-
R12_06	0,314	0,501	0,131	0,035	0,019	-	-	-	-	-
R12_07	0,958	0,023	0,008	0,004	0,007	-	-	-	-	-
R12_08	0,754	0,007	0,190	0,006	0,043	-	-	-	-	-
R12_09	0,192	0,612	0,006	0,171	0,020	-	-	-	-	-
R12_10	0,044	0,468	0,310	0,166	0,012	-	-	-	-	-
R12_11	0,025	0,931	0,017	0,023	0,004	-	-	-	-	-
R12_12	0,195	0,441	0,349	0,008	0,007	-	-	-	-	-
R12_13	0,033	0,731	0,033	0,008	0,195	-	-	-	-	-
R12_14	0,005	0,973	0,010	0,009	0,003	-	-	-	-	-
R12_15	0,007	0,978	0,003	0,008	0,004	-	-	-	-	-
R12_16	0,011	0,664	0,022	0,299	0,005	-	-	-	-	-
R12_17	0,012	0,970	0,010	0,005	0,003	-	-	-	-	-
R12_18	0,024	0,954	0,003	0,014	0,005	-	-	-	-	-
R12_19	0,011	0,975	0,004	0,004	0,006	-	-	-	-	-
R12_20	0,713	0,017	0,011	0,247	0,012	-	-	-	-	-
R32_01	0,699	0,018	0,269	0,011	0,003	-	-	-	-	-
R32_02	0,889	0,071	0,006	0,021	0,014	-	-	-	-	-
R32_03	0,938	0,005	0,043	0,002	0,012	-	-	-	-	-
R32_04	0,796	0,155	0,042	0,004	0,004	-	-	-	-	-
R32_05	0,966	0,018	0,010	0,002	0,004	-	-	-	-	-
R32_06	0,938	0,010	0,014	0,035	0,003	-	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)					R12	GeneClass2 (27.1.2022)			
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana		R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
R32_07	0,813	0,142	0,027	0,013	0,004	-	-	-	-	-
R32_08	0,960	0,022	0,005	0,003	0,010	-	-	-	-	-
R32_09	0,959	0,011	0,011	0,006	0,014	-	-	-	-	-
R32_10	0,911	0,059	0,015	0,011	0,004	-	-	-	-	-
R32_11	0,906	0,004	0,083	0,004	0,003	-	-	-	-	-
R32_12	0,951	0,020	0,016	0,008	0,004	-	-	-	-	-
R32_13	0,862	0,040	0,016	0,043	0,039	-	-	-	-	-
R32_14	0,948	0,044	0,003	0,002	0,003	-	-	-	-	-
R32_15	0,938	0,008	0,047	0,002	0,005	-	-	-	-	-
R32_17	0,951	0,012	0,024	0,003	0,011	-	-	-	-	-
R32_18	0,954	0,005	0,035	0,003	0,003	-	-	-	-	-
R32_19	0,779	0,041	0,169	0,007	0,004	-	-	-	-	-
R32_20	0,098	0,889	0,007	0,003	0,003	-	-	-	-	-
R33_02	0,011	0,022	0,015	0,009	0,943	-	-	-	-	-
R33_03	0,004	0,003	0,003	0,003	0,988	-	-	-	-	-
R33_04	0,005	0,008	0,006	0,032	0,949	-	-	-	-	-
R33_05	0,003	0,005	0,004	0,019	0,969	-	-	-	-	-
R33_06	0,007	0,006	0,004	0,316	0,666	-	-	-	-	-
R33_07	0,035	0,007	0,022	0,005	0,931	-	-	-	-	-
R33_08	0,010	0,013	0,013	0,009	0,955	-	-	-	-	-
R33_09	0,005	0,003	0,002	0,004	0,985	-	-	-	-	-
R33_10	0,018	0,011	0,005	0,004	0,961	-	-	-	-	-
R33_11	0,007	0,004	0,003	0,009	0,978	-	-	-	-	-
R33_12	0,003	0,004	0,003	0,004	0,986	-	-	-	-	-
R33_13	0,006	0,005	0,005	0,034	0,950	-	-	-	-	-
R33_14	0,008	0,003	0,004	0,029	0,956	-	-	-	-	-
R33_15	0,005	0,007	0,003	0,042	0,943	-	-	-	-	-
R33_16	0,004	0,004	0,020	0,065	0,908	-	-	-	-	-
R33_17	0,005	0,003	0,003	0,006	0,983	-	-	-	-	-
R33_19	0,004	0,014	0,003	0,006	0,974	-	-	-	-	-
R33_20	0,009	0,027	0,003	0,011	0,949	-	-	-	-	-
R38_01	0,003	0,006	0,985	0,003	0,003	-	-	-	-	-
R38_02	0,034	0,110	0,813	0,007	0,035	-	-	-	-	-
R38_03	0,045	0,065	0,883	0,003	0,004	-	-	-	-	-
R38_04	0,004	0,004	0,969	0,013	0,009	-	-	-	-	-
R38_05	0,006	0,006	0,974	0,009	0,005	-	-	-	-	-
R38_06	0,004	0,003	0,984	0,004	0,004	-	-	-	-	-
R38_07	0,014	0,016	0,950	0,013	0,006	-	-	-	-	-
R38_08	0,011	0,011	0,968	0,005	0,005	-	-	-	-	-
R38_09	0,021	0,067	0,900	0,004	0,008	-	-	-	-	-
R38_10	0,003	0,003	0,989	0,003	0,002	-	-	-	-	-
R38_11	0,005	0,007	0,981	0,004	0,004	-	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)					R12	GeneClass2 (27.1.2022)			
	Vanc. Isl.	WA-coastal	BC-interior	BC-coastal	Montana		R05 +R32	BC-coastal	BC-interior	Montana
R38_12	0,005	0,003	0,986	0,003	0,003	-	-	-	-	-
R38_13	0,011	0,023	0,946	0,003	0,016	-	-	-	-	-
R38_14	0,008	0,007	0,972	0,006	0,007	-	-	-	-	-
R38_15	0,006	0,006	0,979	0,005	0,004	-	-	-	-	-
R38_16	0,004	0,003	0,984	0,003	0,006	-	-	-	-	-
R38_17	0,003	0,002	0,981	0,004	0,009	-	-	-	-	-
R38_18	0,004	0,004	0,972	0,017	0,003	-	-	-	-	-
R38_19	0,006	0,015	0,966	0,007	0,007	-	-	-	-	-
R38_20	0,010	0,042	0,925	0,012	0,012	-	-	-	-	-
R39_01	0,003	0,002	0,006	0,986	0,003	-	-	-	-	-
R39_02	0,004	0,005	0,003	0,980	0,009	-	-	-	-	-
R39_03	0,013	0,004	0,003	0,813	0,166	-	-	-	-	-
R39_04	0,003	0,006	0,068	0,889	0,034	-	-	-	-	-
R39_05	0,003	0,003	0,003	0,988	0,003	-	-	-	-	-
R39_06	0,007	0,005	0,005	0,980	0,003	-	-	-	-	-
R39_07	0,073	0,036	0,006	0,874	0,011	-	-	-	-	-
R39_08	0,009	0,032	0,009	0,934	0,016	-	-	-	-	-
R39_09	0,004	0,006	0,002	0,984	0,004	-	-	-	-	-
R39_10	0,027	0,020	0,029	0,909	0,015	-	-	-	-	-
R39_11	0,003	0,004	0,007	0,567	0,420	-	-	-	-	-
R39_12	0,008	0,018	0,005	0,960	0,010	-	-	-	-	-
R39_13	0,003	0,003	0,035	0,956	0,003	-	-	-	-	-
R39_14	0,006	0,005	0,004	0,840	0,146	-	-	-	-	-
R39_15	0,003	0,005	0,003	0,985	0,004	-	-	-	-	-
R39_16	0,015	0,006	0,003	0,968	0,008	-	-	-	-	-
R39_17	0,003	0,003	0,005	0,986	0,004	-	-	-	-	-
R39_18	0,005	0,004	0,007	0,967	0,018	-	-	-	-	-
R39_19	0,074	0,158	0,075	0,660	0,034	-	-	-	-	-
R39_20	0,004	0,007	0,003	0,983	0,003	-	-	-	-	-

Table A3.5 – Individual STRUCTURE membership proportions and individual assignment scores computed with GeneClass2 for K = 6 (conditional formatting with green tones for coastal and blue tones for interior clusters) (BC = British Columbia, Canada, OR = Oregon, USA, WA = Washington, USA)

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Montana	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Montana
CaiP01	0,059	0,129	0,784	0,009	0,009	0,011	0,0	91,8	8,2	0,0	0,0	0,0
CaiP02	0,014	0,940	0,007	0,004	0,018	0,018	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CaiP03	0,023	0,032	0,933	0,004	0,003	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CaiP04	0,225	0,179	0,578	0,010	0,005	0,005	0,1	0,0	99,9	0,0	0,0	0,0
CaiP05	0,053	0,065	0,852	0,004	0,018	0,009	99,2	0,0	0,8	0,0	0,0	0,0
CaiP06	0,009	0,025	0,928	0,004	0,033	0,003	97,0	3,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CaiP07	0,024	0,005	0,963	0,003	0,002	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP08	0,016	0,625	0,325	0,008	0,021	0,007	21,4	78,4	0,3	0,0	0,0	0,0
CaiP09	0,690	0,171	0,117	0,006	0,006	0,011	10,0	0,0	90,0	0,0	0,0	0,0
CaiP10	0,018	0,225	0,734	0,006	0,010	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CaiP11	0,238	0,014	0,739	0,004	0,002	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP12	0,005	0,008	0,980	0,003	0,002	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP13	0,973	0,006	0,011	0,004	0,002	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
CaiP14	0,962	0,015	0,015	0,003	0,003	0,003	81,6	0,0	18,4	0,0	0,0	0,0
CaiP15	0,044	0,037	0,893	0,009	0,009	0,010	99,1	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0
CaiP16	0,013	0,092	0,832	0,047	0,008	0,009	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP17	0,033	0,011	0,828	0,013	0,019	0,096	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP18	0,114	0,012	0,852	0,004	0,015	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
CaiP19	0,887	0,033	0,041	0,005	0,005	0,030	0,5	0,0	99,5	0,0	0,0	0,0
CaiP20	0,026	0,022	0,933	0,012	0,004	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP01	0,014	0,080	0,884	0,004	0,008	0,012	9,2	0,0	90,8	0,0	0,0	0,0
GesP02	0,703	0,058	0,222	0,006	0,004	0,008	0,8	0,0	99,2	0,0	0,0	0,0
GesP03	0,167	0,014	0,807	0,006	0,003	0,003	98,6	0,0	1,4	0,0	0,0	0,0
GesP04	0,270	0,023	0,248	0,451	0,005	0,003	0,1	0,0	90,8	9,1	0,0	0,0
GesP05	0,950	0,015	0,022	0,005	0,005	0,004	99,1	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0
GesP06	0,006	0,012	0,966	0,003	0,002	0,011	0,0	0,4	99,6	0,0	0,0	0,0
GesP07	0,013	0,016	0,963	0,002	0,004	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP08	0,013	0,014	0,962	0,005	0,003	0,005	0,2	99,1	0,7	0,0	0,0	0,0
GesP09	0,030	0,060	0,889	0,007	0,009	0,005	4,1	95,9	0,0	0,0	0,0	0,0
GesP10	0,029	0,032	0,929	0,004	0,003	0,004	0,0	98,0	2,0	0,0	0,0	0,0
GesP11	0,048	0,256	0,642	0,016	0,016	0,024	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
GesP12	0,080	0,142	0,738	0,030	0,003	0,009	0,0	25,6	74,4	0,0	0,0	0,0
GesP13	0,010	0,027	0,943	0,007	0,004	0,011	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
GesP14	0,005	0,518	0,465	0,005	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
GesP15	0,767	0,024	0,164	0,036	0,005	0,005	71,0	0,0	29,0	0,0	0,0	0,0
GesP16	0,270	0,015	0,695	0,012	0,006	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GesP17	0,031	0,408	0,529	0,007	0,010	0,017	5,3	1,0	93,8	0,0	0,0	0,0
GesP18	0,700	0,016	0,202	0,020	0,057	0,005	1,5	0,0	98,5	0,0	0,0	0,0
GesP19	0,844	0,022	0,065	0,060	0,004	0,006	2,6	0,0	97,4	0,0	0,0	0,0



Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na
GesP20	0,010	0,061	0,917	0,005	0,004	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
GrmP01	0,004	0,004	0,005	0,004	0,004	0,980	0,0	0,0	0,0	0,6	58,6	40,9
GrmP02	0,009	0,021	0,006	0,002	0,064	0,898	80,1	0,0	0,0	0,0	19,4	0,5
GrmP03	0,018	0,006	0,006	0,003	0,048	0,920	31,5	67,6	0,0	0,0	0,9	0,0
GrmP04	0,009	0,007	0,017	0,027	0,004	0,937	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrmP05	0,008	0,012	0,006	0,004	0,033	0,939	0,0	1,3	0,0	0,0	98,7	0,0
GrmP06	0,004	0,030	0,008	0,003	0,023	0,933	0,0	0,1	0,0	0,0	69,0	30,9
GrmP07	0,006	0,156	0,008	0,003	0,004	0,824	0,0	92,4	7,6	0,0	0,0	0,0
GrmP08	0,037	0,008	0,025	0,005	0,004	0,921	0,0	1,0	0,0	0,0	0,0	99,0
GrmP09	0,005	0,008	0,004	0,010	0,027	0,947	2,6	0,0	0,0	0,0	91,9	5,6
GrmP10	0,003	0,005	0,004	0,003	0,002	0,984	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrmP11	0,009	0,037	0,011	0,006	0,017	0,922	91,3	0,0	0,0	0,0	0,0	8,7
GrmP12	0,011	0,008	0,015	0,010	0,008	0,950	0,1	0,0	97,6	0,0	0,6	1,8
GrmP13	0,010	0,005	0,024	0,002	0,003	0,957	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	99,0
GrmP14	0,005	0,007	0,008	0,002	0,004	0,975	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrmP15	0,317	0,272	0,016	0,076	0,132	0,189	13,2	78,4	0,0	1,3	7,1	0,0
GrmP16	0,005	0,004	0,007	0,003	0,004	0,978	0,0	0,0	98,8	0,0	0,1	1,1
GrmP17	0,009	0,007	0,012	0,004	0,029	0,940	32,9	0,0	0,0	0,0	0,1	67,0
GrmP18	0,004	0,005	0,008	0,002	0,004	0,978	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
GrmP19	0,127	0,028	0,034	0,006	0,006	0,801	0,2	0,0	5,0	0,0	0,0	94,8
GrmP20	0,024	0,081	0,037	0,009	0,005	0,845	32,0	13,1	54,2	0,7	0,0	0,0
KunP01	0,125	0,029	0,831	0,009	0,002	0,006	39,6	0,0	60,4	0,0	0,0	0,0
KunP02	0,013	0,011	0,963	0,008	0,003	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP03	0,183	0,011	0,781	0,018	0,002	0,006	49,0	0,2	50,6	0,2	0,0	0,0
KunP04	0,111	0,332	0,547	0,003	0,003	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP05	0,036	0,247	0,689	0,013	0,005	0,010	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP06	0,207	0,028	0,742	0,011	0,009	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP07	0,946	0,024	0,021	0,004	0,002	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
KunP08	0,026	0,738	0,217	0,006	0,004	0,010	99,8	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0
KunP09	0,017	0,084	0,875	0,005	0,008	0,011	0,3	0,0	99,7	0,0	0,0	0,0
KunP10	0,126	0,417	0,431	0,007	0,006	0,014	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
KunP11	0,865	0,012	0,112	0,005	0,003	0,004	82,0	2,5	15,5	0,0	0,0	0,0
KunP12	0,109	0,082	0,800	0,004	0,002	0,004	1,3	0,0	98,7	0,0	0,0	0,0
KunP13	0,056	0,815	0,012	0,110	0,004	0,005	32,3	67,5	0,2	0,0	0,0	0,0
KunP14	0,412	0,187	0,272	0,003	0,003	0,123	0,0	0,1	99,9	0,0	0,0	0,0
KunP15	0,477	0,016	0,448	0,005	0,007	0,048	0,4	0,0	99,6	0,0	0,0	0,0
KunP16	0,035	0,017	0,935	0,007	0,003	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP17	0,938	0,009	0,026	0,003	0,017	0,008	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP18	0,007	0,006	0,970	0,010	0,002	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP19	0,034	0,007	0,951	0,002	0,004	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
KunP20	0,028	0,008	0,953	0,004	0,003	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP01	0,043	0,465	0,397	0,010	0,083	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0



Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na
RueP02	0,020	0,588	0,271	0,042	0,075	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP03	0,026	0,008	0,945	0,013	0,004	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP04	0,021	0,006	0,959	0,008	0,003	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP05	0,951	0,023	0,011	0,005	0,007	0,004	98,9	1,1	0,0	0,0	0,0	0,0
RueP06	0,373	0,600	0,009	0,012	0,003	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
RueP07	0,007	0,032	0,850	0,014	0,005	0,093	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP08	0,137	0,010	0,838	0,007	0,003	0,006	0,3	20,1	79,6	0,0	0,0	0,0
RueP09	0,367	0,016	0,584	0,014	0,004	0,015	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP10	0,029	0,062	0,789	0,006	0,013	0,103	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP11	0,007	0,011	0,971	0,003	0,003	0,006	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP12	0,124	0,020	0,775	0,074	0,003	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP13	0,800	0,054	0,123	0,004	0,012	0,008	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
RueP14	0,035	0,020	0,915	0,019	0,006	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP15	0,021	0,011	0,957	0,005	0,003	0,004	3,2	0,0	96,8	0,0	0,0	0,0
RueP16	0,759	0,021	0,182	0,005	0,029	0,006	99,8	0,1	0,2	0,0	0,0	0,0
RueP17	0,245	0,005	0,730	0,013	0,003	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
RueP18	0,044	0,027	0,919	0,004	0,003	0,004	10,1	89,9	0,0	0,0	0,0	0,0
RueP19	0,009	0,060	0,889	0,028	0,006	0,009	0,0	99,8	0,2	0,0	0,0	0,0
RueP20	0,067	0,045	0,856	0,013	0,005	0,015	48,2	50,9	0,9	0,0	0,0	0,0
ScaP01	0,445	0,474	0,038	0,021	0,005	0,017	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP02	0,984	0,006	0,003	0,004	0,002	0,002	99,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP03	0,194	0,019	0,719	0,010	0,015	0,045	0,0	98,9	1,1	0,0	0,0	0,0
ScaP04	0,871	0,028	0,020	0,046	0,032	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP05	0,973	0,004	0,016	0,003	0,002	0,003	90,3	0,0	9,7	0,0	0,0	0,0
ScaP06	0,983	0,005	0,004	0,003	0,003	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP07	0,920	0,040	0,007	0,027	0,003	0,004	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP08	0,544	0,028	0,377	0,018	0,008	0,027	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP09	0,929	0,047	0,014	0,003	0,004	0,004	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP10	0,973	0,006	0,009	0,007	0,002	0,004	80,3	0,0	0,0	19,7	0,0	0,0
ScaP11	0,009	0,036	0,946	0,005	0,002	0,003	0,0	99,6	0,4	0,0	0,0	0,0
ScaP12	0,973	0,008	0,007	0,006	0,004	0,003	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP13	0,963	0,014	0,011	0,005	0,004	0,005	99,6	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP14	0,942	0,033	0,005	0,003	0,006	0,012	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP15	0,014	0,734	0,191	0,005	0,050	0,007	0,0	97,5	2,5	0,0	0,0	0,0
ScaP16	0,263	0,062	0,036	0,022	0,007	0,611	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	100,0
ScaP17	0,963	0,009	0,012	0,010	0,002	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ScaP18	0,033	0,007	0,920	0,003	0,033	0,006	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
ScaP19	0,978	0,008	0,006	0,003	0,004	0,002	27,7	0,0	72,3	0,0	0,0	0,0
ScaP20	0,970	0,008	0,007	0,006	0,003	0,007	99,8	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0
SomP01	0,858	0,019	0,112	0,004	0,003	0,005	0,0	0,1	99,9	0,0	0,0	0,0
SomP02	0,765	0,008	0,189	0,009	0,005	0,025	5,8	0,0	94,2	0,0	0,0	0,0
SomP03	0,235	0,026	0,689	0,043	0,004	0,004	0,0	57,3	42,6	0,0	0,0	0,0

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Montana	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Montana
SomP04	0,082	0,013	0,884	0,013	0,005	0,003	99,8	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0
SomP05	0,011	0,024	0,953	0,003	0,007	0,004	0,0	96,6	3,4	0,0	0,0	0,0
SomP06	0,013	0,010	0,968	0,004	0,003	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP07	0,364	0,521	0,102	0,007	0,004	0,003	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SomP08	0,927	0,009	0,054	0,004	0,002	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP09	0,281	0,018	0,438	0,010	0,003	0,251	11,2	0,0	88,8	0,0	0,0	0,0
SomP10	0,017	0,007	0,958	0,008	0,007	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP11	0,817	0,018	0,155	0,003	0,004	0,003	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP12	0,849	0,007	0,068	0,068	0,006	0,004	47,8	0,0	52,2	0,0	0,0	0,0
SomP13	0,929	0,009	0,052	0,003	0,003	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SomP14	0,047	0,044	0,881	0,022	0,003	0,005	8,8	0,0	91,2	0,0	0,0	0,0
SomP15	0,032	0,092	0,829	0,004	0,003	0,042	99,7	0,0	0,3	0,0	0,0	0,0
SomP16	0,592	0,020	0,343	0,040	0,002	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP17	0,388	0,045	0,525	0,006	0,003	0,034	6,2	0,0	93,8	0,0	0,0	0,0
SomP18	0,838	0,006	0,141	0,006	0,006	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
SomP19	0,605	0,011	0,366	0,004	0,004	0,011	6,3	0,0	93,7	0,0	0,0	0,0
SomP20	0,939	0,005	0,042	0,011	0,002	0,003	0,8	0,0	99,2	0,0	0,0	0,0
SomP21	0,919	0,011	0,043	0,019	0,004	0,005	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
UetP01	0,028	0,745	0,178	0,038	0,006	0,006	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
UetP02	0,365	0,157	0,242	0,102	0,003	0,133	99,5	0,0	0,5	0,0	0,0	0,0
UetP03	0,157	0,006	0,814	0,010	0,009	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP04	0,675	0,110	0,176	0,021	0,010	0,008	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
UetP05	0,016	0,007	0,970	0,003	0,002	0,003	0,0	0,5	99,5	0,0	0,0	0,0
UetP06	0,076	0,010	0,902	0,006	0,003	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP07	0,453	0,219	0,311	0,010	0,003	0,005	0,0	1,4	98,5	0,0	0,0	0,0
UetP08	0,071	0,190	0,660	0,005	0,005	0,069	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
UetP09	0,869	0,039	0,072	0,005	0,006	0,010	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP10	0,090	0,031	0,862	0,006	0,002	0,009	4,2	0,0	95,8	0,0	0,0	0,0
UetP11	0,920	0,011	0,051	0,009	0,006	0,005	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP12	0,023	0,008	0,959	0,004	0,003	0,004	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP13	0,293	0,012	0,685	0,005	0,003	0,003	9,4	0,5	90,1	0,0	0,0	0,0
UetP14	0,093	0,008	0,879	0,007	0,002	0,012	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP15	0,399	0,249	0,340	0,005	0,002	0,004	4,7	0,0	95,3	0,0	0,0	0,0
UetP16	0,017	0,909	0,036	0,025	0,006	0,008	6,3	93,6	0,1	0,0	0,0	0,0
UetP17	0,126	0,044	0,785	0,033	0,005	0,009	0,0	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0
UetP18	0,953	0,005	0,014	0,023	0,003	0,003	0,7	0,5	98,8	0,0	0,0	0,0
UetP19	0,054	0,522	0,398	0,014	0,003	0,010	0,0	100,0	0,0	0,0	0,0	0,0
UetP20	0,052	0,035	0,897	0,004	0,004	0,009	1,4	14,0	84,6	0,0	0,0	0,0
R05_01	0,413	0,487	0,031	0,025	0,031	0,014	-	-	-	-	-	-
R05_02	0,035	0,930	0,013	0,008	0,011	0,004	-	-	-	-	-	-
R05_03	0,010	0,971	0,009	0,003	0,004	0,005	-	-	-	-	-	-
R05_04	0,043	0,591	0,069	0,036	0,020	0,242	-	-	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na
R05_05	0,653	0,116	0,027	0,019	0,011	0,174	-	-	-	-	-	-
R05_06	0,886	0,046	0,034	0,024	0,003	0,007	-	-	-	-	-	-
R05_07	0,020	0,757	0,004	0,208	0,004	0,008	-	-	-	-	-	-
R05_08	0,051	0,785	0,060	0,042	0,041	0,022	-	-	-	-	-	-
R05_09	0,680	0,246	0,060	0,006	0,003	0,006	-	-	-	-	-	-
R05_10	0,253	0,263	0,110	0,348	0,011	0,016	-	-	-	-	-	-
R05_11	0,383	0,133	0,414	0,051	0,005	0,016	-	-	-	-	-	-
R05_12	0,515	0,379	0,084	0,006	0,004	0,012	-	-	-	-	-	-
R05_13	0,029	0,351	0,314	0,003	0,234	0,069	-	-	-	-	-	-
R05_14	0,523	0,376	0,047	0,008	0,009	0,038	-	-	-	-	-	-
R05_15	0,010	0,797	0,179	0,004	0,007	0,003	-	-	-	-	-	-
R05_16	0,007	0,971	0,006	0,008	0,005	0,004	-	-	-	-	-	-
R05_17	0,381	0,460	0,122	0,006	0,005	0,026	-	-	-	-	-	-
R05_18	0,077	0,688	0,053	0,012	0,165	0,006	-	-	-	-	-	-
R05_19	0,858	0,084	0,031	0,010	0,006	0,012	-	-	-	-	-	-
R05_20	0,667	0,182	0,100	0,032	0,013	0,005	-	-	-	-	-	-
R12_01	0,023	0,952	0,010	0,008	0,004	0,006	-	-	-	-	-	-
R12_02	0,009	0,961	0,010	0,013	0,004	0,005	-	-	-	-	-	-
R12_03	0,040	0,823	0,072	0,031	0,006	0,030	-	-	-	-	-	-
R12_04	0,005	0,982	0,004	0,003	0,003	0,003	-	-	-	-	-	-
R12_05	0,008	0,959	0,013	0,011	0,005	0,005	-	-	-	-	-	-
R12_06	0,020	0,742	0,132	0,076	0,021	0,009	-	-	-	-	-	-
R12_07	0,006	0,017	0,963	0,007	0,003	0,005	-	-	-	-	-	-
R12_08	0,008	0,017	0,827	0,120	0,005	0,024	-	-	-	-	-	-
R12_09	0,006	0,948	0,013	0,003	0,023	0,008	-	-	-	-	-	-
R12_10	0,041	0,819	0,013	0,088	0,034	0,007	-	-	-	-	-	-
R12_11	0,009	0,956	0,013	0,010	0,010	0,003	-	-	-	-	-	-
R12_12	0,092	0,618	0,107	0,175	0,004	0,005	-	-	-	-	-	-
R12_13	0,070	0,784	0,013	0,017	0,006	0,111	-	-	-	-	-	-
R12_14	0,003	0,980	0,004	0,008	0,004	0,002	-	-	-	-	-	-
R12_15	0,008	0,973	0,009	0,003	0,005	0,003	-	-	-	-	-	-
R12_16	0,004	0,887	0,009	0,026	0,072	0,004	-	-	-	-	-	-
R12_17	0,012	0,963	0,010	0,010	0,003	0,003	-	-	-	-	-	-
R12_18	0,030	0,940	0,016	0,003	0,008	0,004	-	-	-	-	-	-
R12_19	0,013	0,956	0,017	0,005	0,005	0,005	-	-	-	-	-	-
R12_20	0,020	0,326	0,480	0,011	0,151	0,013	-	-	-	-	-	-
R32_01	0,127	0,226	0,350	0,288	0,007	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_02	0,004	0,215	0,756	0,005	0,012	0,009	-	-	-	-	-	-
R32_03	0,019	0,005	0,921	0,043	0,002	0,011	-	-	-	-	-	-
R32_04	0,014	0,137	0,790	0,053	0,003	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_05	0,050	0,020	0,916	0,008	0,002	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_06	0,352	0,116	0,477	0,018	0,035	0,004	-	-	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na
R32_07	0,090	0,658	0,223	0,018	0,008	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_08	0,493	0,089	0,394	0,005	0,003	0,016	-	-	-	-	-	-
R32_09	0,141	0,014	0,812	0,012	0,006	0,016	-	-	-	-	-	-
R32_10	0,057	0,094	0,821	0,015	0,011	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_11	0,004	0,009	0,890	0,091	0,004	0,003	-	-	-	-	-	-
R32_12	0,398	0,018	0,535	0,033	0,012	0,005	-	-	-	-	-	-
R32_13	0,015	0,238	0,672	0,015	0,035	0,026	-	-	-	-	-	-
R32_14	0,609	0,019	0,365	0,003	0,002	0,003	-	-	-	-	-	-
R32_15	0,009	0,006	0,932	0,048	0,002	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_17	0,130	0,027	0,796	0,027	0,003	0,018	-	-	-	-	-	-
R32_18	0,198	0,045	0,698	0,053	0,004	0,003	-	-	-	-	-	-
R32_19	0,009	0,097	0,758	0,126	0,007	0,004	-	-	-	-	-	-
R32_20	0,959	0,012	0,017	0,007	0,003	0,003	-	-	-	-	-	-
R33_02	0,012	0,072	0,013	0,014	0,010	0,880	-	-	-	-	-	-
R33_03	0,002	0,003	0,004	0,003	0,003	0,985	-	-	-	-	-	-
R33_04	0,007	0,006	0,006	0,006	0,043	0,934	-	-	-	-	-	-
R33_05	0,003	0,009	0,003	0,004	0,023	0,959	-	-	-	-	-	-
R33_06	0,008	0,007	0,008	0,004	0,437	0,537	-	-	-	-	-	-
R33_07	0,014	0,017	0,035	0,021	0,005	0,910	-	-	-	-	-	-
R33_08	0,015	0,020	0,007	0,012	0,009	0,938	-	-	-	-	-	-
R33_09	0,006	0,004	0,003	0,003	0,004	0,980	-	-	-	-	-	-
R33_10	0,008	0,024	0,020	0,005	0,004	0,940	-	-	-	-	-	-
R33_11	0,004	0,004	0,008	0,003	0,012	0,970	-	-	-	-	-	-
R33_12	0,003	0,006	0,003	0,003	0,003	0,982	-	-	-	-	-	-
R33_13	0,003	0,025	0,008	0,005	0,039	0,921	-	-	-	-	-	-
R33_14	0,010	0,003	0,006	0,004	0,035	0,944	-	-	-	-	-	-
R33_15	0,015	0,005	0,004	0,003	0,054	0,920	-	-	-	-	-	-
R33_16	0,003	0,006	0,004	0,019	0,083	0,887	-	-	-	-	-	-
R33_17	0,003	0,005	0,004	0,003	0,007	0,979	-	-	-	-	-	-
R33_19	0,007	0,013	0,004	0,003	0,006	0,969	-	-	-	-	-	-
R33_20	0,026	0,014	0,008	0,003	0,010	0,941	-	-	-	-	-	-
R38_01	0,004	0,007	0,003	0,981	0,003	0,003	-	-	-	-	-	-
R38_02	0,147	0,018	0,035	0,765	0,009	0,028	-	-	-	-	-	-
R38_03	0,078	0,016	0,042	0,860	0,003	0,003	-	-	-	-	-	-
R38_04	0,005	0,004	0,004	0,964	0,014	0,010	-	-	-	-	-	-
R38_05	0,005	0,009	0,006	0,968	0,009	0,005	-	-	-	-	-	-
R38_06	0,004	0,004	0,004	0,982	0,003	0,004	-	-	-	-	-	-
R38_07	0,016	0,011	0,016	0,940	0,013	0,006	-	-	-	-	-	-
R38_08	0,011	0,013	0,007	0,961	0,004	0,005	-	-	-	-	-	-
R38_09	0,010	0,194	0,021	0,766	0,003	0,007	-	-	-	-	-	-
R38_10	0,003	0,004	0,003	0,986	0,003	0,002	-	-	-	-	-	-
R38_11	0,004	0,007	0,005	0,977	0,004	0,004	-	-	-	-	-	-

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						GeneClass2 (27.1.2022)					
	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na	OR-coastal	WA-coastal	Vanc. Isl.	BC-coastal	BC-interior	Monta-na
R38_12	0,004	0,003	0,005	0,983	0,003	0,003	-	-	-	-	-	-
R38_13	0,019	0,012	0,015	0,935	0,003	0,018	-	-	-	-	-	-
R38_14	0,006	0,008	0,009	0,963	0,007	0,009	-	-	-	-	-	-
R38_15	0,005	0,007	0,007	0,972	0,006	0,004	-	-	-	-	-	-
R38_16	0,003	0,004	0,004	0,980	0,003	0,007	-	-	-	-	-	-
R38_17	0,002	0,002	0,003	0,980	0,004	0,010	-	-	-	-	-	-
R38_18	0,003	0,006	0,005	0,969	0,015	0,003	-	-	-	-	-	-
R38_19	0,007	0,030	0,006	0,943	0,007	0,007	-	-	-	-	-	-
R38_20	0,018	0,071	0,009	0,885	0,008	0,011	-	-	-	-	-	-
R39_01	0,003	0,003	0,002	0,006	0,983	0,003	-	-	-	-	-	-
R39_02	0,004	0,005	0,004	0,003	0,977	0,008	-	-	-	-	-	-
R39_03	0,006	0,005	0,013	0,003	0,820	0,154	-	-	-	-	-	-
R39_04	0,003	0,011	0,003	0,079	0,874	0,031	-	-	-	-	-	-
R39_05	0,003	0,004	0,003	0,004	0,983	0,003	-	-	-	-	-	-
R39_06	0,006	0,010	0,008	0,005	0,968	0,004	-	-	-	-	-	-
R39_07	0,018	0,032	0,113	0,005	0,823	0,011	-	-	-	-	-	-
R39_08	0,019	0,049	0,013	0,007	0,896	0,017	-	-	-	-	-	-
R39_09	0,006	0,007	0,004	0,002	0,978	0,004	-	-	-	-	-	-
R39_10	0,016	0,072	0,061	0,035	0,800	0,018	-	-	-	-	-	-
R39_11	0,003	0,005	0,003	0,007	0,579	0,403	-	-	-	-	-	-
R39_12	0,012	0,013	0,006	0,005	0,954	0,011	-	-	-	-	-	-
R39_13	0,002	0,004	0,003	0,043	0,947	0,003	-	-	-	-	-	-
R39_14	0,007	0,010	0,005	0,004	0,815	0,160	-	-	-	-	-	-
R39_15	0,005	0,005	0,003	0,003	0,980	0,004	-	-	-	-	-	-
R39_16	0,005	0,010	0,019	0,003	0,956	0,008	-	-	-	-	-	-
R39_17	0,003	0,004	0,003	0,005	0,982	0,004	-	-	-	-	-	-
R39_18	0,006	0,006	0,004	0,008	0,962	0,016	-	-	-	-	-	-
R39_19	0,016	0,536	0,040	0,031	0,354	0,024	-	-	-	-	-	-
R39_20	0,004	0,021	0,004	0,003	0,966	0,003	-	-	-	-	-	-

Table A3.6 – Individual STRUCTURE membership proportions K = 6 (conditional formatting with green tones for coastal and blue tones for interior clusters) (BC = British Columbia, Canada, OR = Oregon, USA, WA = Washington, USA)

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
CaiP01	0,014	0,082	0,167	0,703	0,011	0,011	0,012
CaiP02	0,015	0,922	0,007	0,010	0,004	0,021	0,021
CaiP03	0,010	0,011	0,859	0,108	0,004	0,003	0,006
CaiP04	0,377	0,111	0,340	0,150	0,010	0,007	0,006
CaiP05	0,032	0,060	0,555	0,324	0,005	0,017	0,008
CaiP06	0,009	0,011	0,922	0,019	0,003	0,033	0,004
CaiP07	0,012	0,004	0,927	0,049	0,003	0,002	0,003
CaiP08	0,006	0,201	0,686	0,050	0,009	0,040	0,007
CaiP09	0,182	0,219	0,221	0,356	0,005	0,005	0,012
CaiP10	0,010	0,239	0,125	0,607	0,005	0,008	0,007
CaiP11	0,014	0,007	0,129	0,841	0,004	0,002	0,004
CaiP12	0,004	0,007	0,873	0,107	0,004	0,002	0,004
CaiP13	0,010	0,005	0,004	0,972	0,004	0,002	0,004
CaiP14	0,020	0,011	0,015	0,947	0,002	0,003	0,003
CaiP15	0,013	0,008	0,913	0,046	0,007	0,007	0,008
CaiP16	0,029	0,051	0,782	0,075	0,049	0,008	0,007
CaiP17	0,010	0,008	0,083	0,795	0,013	0,013	0,080
CaiP18	0,023	0,013	0,070	0,873	0,004	0,012	0,005
CaiP19	0,020	0,016	0,010	0,923	0,004	0,004	0,024
CaiP20	0,032	0,036	0,801	0,109	0,013	0,005	0,004
GesP01	0,030	0,114	0,448	0,379	0,005	0,008	0,018
GesP02	0,045	0,019	0,024	0,900	0,005	0,004	0,004
GesP03	0,162	0,010	0,768	0,047	0,007	0,003	0,003
GesP04	0,022	0,017	0,056	0,525	0,373	0,005	0,003
GesP05	0,246	0,016	0,102	0,620	0,005	0,007	0,004
GesP06	0,005	0,013	0,728	0,235	0,003	0,002	0,015
GesP07	0,011	0,015	0,839	0,124	0,003	0,005	0,003
GesP08	0,007	0,015	0,888	0,078	0,005	0,003	0,006
GesP09	0,013	0,013	0,932	0,019	0,006	0,012	0,005
GesP10	0,010	0,033	0,211	0,734	0,004	0,004	0,004
GesP11	0,026	0,276	0,381	0,255	0,018	0,018	0,027
GesP12	0,029	0,061	0,722	0,147	0,030	0,003	0,009
GesP13	0,043	0,027	0,892	0,018	0,007	0,005	0,010
GesP14	0,005	0,229	0,745	0,007	0,006	0,005	0,004
GesP15	0,052	0,021	0,112	0,769	0,039	0,004	0,004
GesP16	0,462	0,013	0,235	0,268	0,011	0,007	0,004
GesP17	0,006	0,131	0,518	0,312	0,008	0,010	0,015
GesP18	0,008	0,006	0,012	0,921	0,011	0,039	0,004
GesP19	0,516	0,019	0,016	0,363	0,078	0,004	0,005

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
GesP20	0,012	0,046	0,886	0,040	0,007	0,005	0,004
GrnP01	0,004	0,004	0,005	0,005	0,004	0,004	0,975
GrnP02	0,016	0,034	0,007	0,004	0,002	0,064	0,873
GrnP03	0,023	0,006	0,006	0,009	0,003	0,057	0,897
GrnP04	0,005	0,006	0,017	0,027	0,029	0,004	0,912
GrnP05	0,010	0,015	0,006	0,007	0,004	0,038	0,921
GrnP06	0,004	0,016	0,009	0,008	0,004	0,023	0,938
GrnP07	0,005	0,153	0,008	0,009	0,003	0,004	0,818
GrnP08	0,014	0,011	0,018	0,040	0,005	0,004	0,909
GrnP09	0,005	0,008	0,004	0,004	0,010	0,027	0,943
GrnP10	0,004	0,005	0,004	0,003	0,003	0,002	0,979
GrnP11	0,013	0,024	0,019	0,008	0,006	0,018	0,913
GrnP12	0,014	0,007	0,010	0,026	0,007	0,007	0,930
GrnP13	0,007	0,005	0,022	0,017	0,002	0,004	0,944
GrnP14	0,005	0,007	0,007	0,007	0,002	0,004	0,969
GrnP15	0,410	0,202	0,009	0,033	0,064	0,140	0,143
GrnP16	0,004	0,004	0,008	0,006	0,004	0,003	0,971
GrnP17	0,013	0,006	0,013	0,008	0,005	0,029	0,927
GrnP18	0,004	0,005	0,010	0,004	0,002	0,004	0,971
GrnP19	0,168	0,018	0,050	0,025	0,005	0,006	0,728
GrnP20	0,029	0,104	0,059	0,032	0,008	0,005	0,764
KunP01	0,177	0,024	0,385	0,397	0,010	0,002	0,006
KunP02	0,006	0,006	0,909	0,065	0,009	0,003	0,003
KunP03	0,065	0,012	0,507	0,387	0,020	0,002	0,007
KunP04	0,019	0,037	0,910	0,027	0,002	0,002	0,003
KunP05	0,005	0,107	0,194	0,668	0,012	0,006	0,009
KunP06	0,014	0,019	0,047	0,898	0,014	0,006	0,003
KunP07	0,313	0,062	0,193	0,418	0,005	0,003	0,006
KunP08	0,024	0,258	0,437	0,254	0,006	0,005	0,017
KunP09	0,010	0,011	0,930	0,030	0,004	0,007	0,010
KunP10	0,104	0,491	0,239	0,141	0,008	0,005	0,014
KunP11	0,009	0,009	0,009	0,963	0,005	0,002	0,004
KunP12	0,022	0,058	0,116	0,794	0,003	0,003	0,004
KunP13	0,031	0,824	0,010	0,033	0,095	0,004	0,004
KunP14	0,021	0,068	0,198	0,619	0,003	0,003	0,088
KunP15	0,027	0,010	0,021	0,889	0,005	0,004	0,045
KunP16	0,054	0,020	0,809	0,104	0,006	0,003	0,004
KunP17	0,006	0,006	0,005	0,964	0,003	0,011	0,005
KunP18	0,008	0,005	0,964	0,009	0,008	0,002	0,005
KunP19	0,009	0,007	0,746	0,228	0,002	0,005	0,003
KunP20	0,019	0,006	0,892	0,073	0,004	0,003	0,004
RueP01	0,043	0,087	0,770	0,014	0,008	0,074	0,004

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
RueP02	0,009	0,586	0,128	0,161	0,044	0,068	0,004
RueP03	0,211	0,009	0,546	0,204	0,020	0,005	0,006
RueP04	0,006	0,007	0,953	0,020	0,008	0,003	0,004
RueP05	0,225	0,041	0,012	0,708	0,006	0,005	0,004
RueP06	0,050	0,891	0,006	0,041	0,006	0,003	0,004
RueP07	0,006	0,013	0,854	0,007	0,011	0,004	0,105
RueP08	0,048	0,010	0,146	0,778	0,009	0,003	0,005
RueP09	0,031	0,011	0,023	0,910	0,012	0,004	0,011
RueP10	0,007	0,027	0,670	0,205	0,005	0,013	0,073
RueP11	0,005	0,008	0,970	0,007	0,003	0,003	0,004
RueP12	0,587	0,032	0,267	0,057	0,049	0,004	0,004
RueP13	0,023	0,072	0,052	0,833	0,004	0,010	0,007
RueP14	0,073	0,016	0,871	0,011	0,019	0,006	0,005
RueP15	0,016	0,010	0,909	0,053	0,006	0,003	0,004
RueP16	0,867	0,019	0,043	0,045	0,004	0,017	0,006
RueP17	0,010	0,004	0,022	0,954	0,006	0,002	0,003
RueP18	0,086	0,033	0,769	0,102	0,004	0,003	0,004
RueP19	0,007	0,029	0,883	0,038	0,026	0,006	0,011
RueP20	0,121	0,076	0,293	0,478	0,013	0,005	0,015
ScaP01	0,778	0,124	0,024	0,026	0,028	0,006	0,015
ScaP02	0,983	0,004	0,003	0,003	0,003	0,002	0,002
ScaP03	0,768	0,021	0,148	0,023	0,006	0,011	0,025
ScaP04	0,073	0,034	0,008	0,822	0,033	0,026	0,005
ScaP05	0,973	0,004	0,008	0,009	0,002	0,002	0,003
ScaP06	0,967	0,005	0,004	0,012	0,003	0,003	0,007
ScaP07	0,929	0,024	0,007	0,008	0,026	0,003	0,004
ScaP08	0,076	0,038	0,351	0,477	0,028	0,008	0,022
ScaP09	0,902	0,046	0,029	0,012	0,003	0,004	0,004
ScaP10	0,972	0,004	0,005	0,010	0,004	0,002	0,003
ScaP11	0,007	0,024	0,930	0,030	0,005	0,002	0,003
ScaP12	0,943	0,014	0,011	0,016	0,008	0,004	0,004
ScaP13	0,961	0,012	0,007	0,009	0,004	0,003	0,004
ScaP14	0,902	0,050	0,006	0,011	0,003	0,012	0,017
ScaP15	0,005	0,469	0,179	0,263	0,005	0,073	0,008
ScaP16	0,052	0,081	0,030	0,325	0,023	0,006	0,483
ScaP17	0,959	0,007	0,009	0,009	0,008	0,002	0,007
ScaP18	0,367	0,007	0,572	0,016	0,004	0,029	0,007
ScaP19	0,951	0,009	0,005	0,026	0,003	0,004	0,002
ScaP20	0,978	0,004	0,004	0,004	0,004	0,002	0,004
SomP01	0,028	0,017	0,072	0,873	0,003	0,003	0,004
SomP02	0,688	0,007	0,101	0,168	0,008	0,005	0,024
SomP03	0,187	0,044	0,347	0,369	0,045	0,004	0,005

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
SomP04	0,210	0,014	0,421	0,337	0,010	0,005	0,004
SomP05	0,014	0,031	0,902	0,036	0,003	0,010	0,004
SomP06	0,016	0,010	0,853	0,111	0,004	0,003	0,004
SomP07	0,201	0,679	0,054	0,053	0,007	0,004	0,003
SomP08	0,111	0,010	0,014	0,855	0,003	0,002	0,006
SomP09	0,116	0,018	0,424	0,221	0,009	0,003	0,209
SomP10	0,014	0,008	0,923	0,030	0,010	0,011	0,004
SomP11	0,029	0,010	0,014	0,937	0,003	0,004	0,003
SomP12	0,729	0,006	0,010	0,203	0,043	0,006	0,003
SomP13	0,922	0,006	0,020	0,042	0,003	0,003	0,004
SomP14	0,046	0,053	0,683	0,189	0,021	0,003	0,005
SomP15	0,025	0,078	0,645	0,183	0,003	0,003	0,063
SomP16	0,600	0,022	0,268	0,055	0,048	0,002	0,006
SomP17	0,043	0,008	0,050	0,869	0,007	0,003	0,021
SomP18	0,387	0,007	0,160	0,430	0,006	0,006	0,005
SomP19	0,116	0,008	0,048	0,812	0,004	0,003	0,009
SomP20	0,893	0,004	0,015	0,074	0,008	0,003	0,003
SomP21	0,889	0,007	0,010	0,073	0,014	0,004	0,004
UetP01	0,013	0,131	0,773	0,023	0,049	0,006	0,007
UetP02	0,211	0,117	0,123	0,355	0,064	0,003	0,126
UetP03	0,011	0,006	0,015	0,943	0,009	0,012	0,005
UetP04	0,184	0,079	0,119	0,569	0,030	0,011	0,009
UetP05	0,026	0,010	0,449	0,505	0,004	0,002	0,004
UetP06	0,008	0,009	0,043	0,929	0,006	0,003	0,004
UetP07	0,240	0,342	0,053	0,348	0,009	0,003	0,006
UetP08	0,041	0,056	0,403	0,444	0,005	0,005	0,046
UetP09	0,517	0,061	0,130	0,266	0,006	0,007	0,014
UetP10	0,016	0,008	0,933	0,030	0,005	0,002	0,006
UetP11	0,056	0,007	0,070	0,851	0,006	0,006	0,005
UetP12	0,014	0,009	0,898	0,069	0,004	0,003	0,004
UetP13	0,211	0,011	0,255	0,512	0,005	0,003	0,003
UetP14	0,061	0,007	0,176	0,736	0,006	0,002	0,013
UetP15	0,369	0,038	0,561	0,021	0,005	0,003	0,004
UetP16	0,021	0,815	0,102	0,015	0,033	0,006	0,008
UetP17	0,020	0,020	0,209	0,716	0,025	0,004	0,006
UetP18	0,825	0,008	0,011	0,134	0,017	0,003	0,003
UetP19	0,112	0,288	0,549	0,024	0,015	0,003	0,010
UetP20	0,017	0,026	0,245	0,695	0,004	0,004	0,010
R05_01	0,020	0,072	0,070	0,753	0,031	0,043	0,011
R05_02	0,121	0,833	0,010	0,007	0,007	0,019	0,004
R05_03	0,014	0,950	0,015	0,009	0,003	0,004	0,005
R05_04	0,031	0,243	0,229	0,116	0,048	0,035	0,298

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
R05_05	0,393	0,129	0,062	0,174	0,016	0,010	0,217
R05_06	0,104	0,054	0,057	0,736	0,039	0,003	0,009
R05_07	0,038	0,730	0,004	0,008	0,207	0,005	0,008
R05_08	0,010	0,367	0,034	0,434	0,074	0,056	0,026
R05_09	0,877	0,086	0,016	0,010	0,005	0,003	0,004
R05_10	0,056	0,226	0,178	0,150	0,362	0,012	0,017
R05_11	0,236	0,058	0,587	0,063	0,039	0,005	0,013
R05_12	0,335	0,431	0,101	0,111	0,006	0,004	0,013
R05_13	0,010	0,119	0,175	0,371	0,003	0,246	0,076
R05_14	0,267	0,385	0,153	0,131	0,009	0,008	0,046
R05_15	0,011	0,316	0,644	0,008	0,003	0,015	0,003
R05_16	0,025	0,947	0,005	0,007	0,006	0,006	0,004
R05_17	0,070	0,259	0,101	0,535	0,007	0,006	0,023
R05_18	0,065	0,468	0,186	0,054	0,009	0,213	0,007
R05_19	0,291	0,194	0,224	0,260	0,011	0,006	0,015
R05_20	0,054	0,104	0,022	0,778	0,027	0,012	0,004
R12_01	0,013	0,956	0,007	0,009	0,008	0,003	0,004
R12_02	0,009	0,953	0,008	0,008	0,013	0,004	0,006
R12_03	0,024	0,715	0,102	0,064	0,047	0,006	0,042
R12_04	0,004	0,979	0,003	0,005	0,003	0,003	0,003
R12_05	0,006	0,945	0,019	0,009	0,012	0,004	0,005
R12_06	0,030	0,661	0,183	0,023	0,074	0,022	0,009
R12_07	0,005	0,037	0,838	0,105	0,008	0,003	0,005
R12_08	0,011	0,018	0,778	0,030	0,133	0,005	0,027
R12_09	0,004	0,844	0,085	0,012	0,003	0,040	0,011
R12_10	0,048	0,833	0,011	0,014	0,059	0,028	0,008
R12_11	0,005	0,946	0,013	0,014	0,011	0,009	0,003
R12_12	0,103	0,658	0,049	0,034	0,147	0,004	0,005
R12_13	0,016	0,765	0,013	0,071	0,020	0,006	0,110
R12_14	0,003	0,977	0,004	0,003	0,007	0,004	0,002
R12_15	0,007	0,964	0,012	0,005	0,003	0,005	0,004
R12_16	0,006	0,806	0,022	0,006	0,029	0,127	0,004
R12_17	0,008	0,955	0,011	0,012	0,008	0,004	0,003
R12_18	0,011	0,911	0,011	0,051	0,003	0,009	0,004
R12_19	0,033	0,915	0,031	0,006	0,004	0,005	0,007
R12_20	0,012	0,081	0,665	0,023	0,011	0,200	0,010
R32_01	0,008	0,053	0,060	0,610	0,260	0,007	0,003
R32_02	0,004	0,039	0,923	0,014	0,005	0,008	0,008
R32_03	0,006	0,004	0,100	0,853	0,025	0,002	0,011
R32_04	0,009	0,017	0,926	0,011	0,032	0,003	0,003
R32_05	0,022	0,009	0,887	0,067	0,010	0,002	0,003
R32_06	0,006	0,041	0,022	0,881	0,011	0,037	0,003

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
R32_07	0,022	0,252	0,655	0,029	0,025	0,014	0,004
R32_08	0,009	0,022	0,038	0,913	0,006	0,004	0,009
R32_09	0,012	0,010	0,047	0,900	0,012	0,005	0,015
R32_10	0,014	0,033	0,100	0,814	0,021	0,014	0,004
R32_11	0,003	0,004	0,918	0,008	0,061	0,004	0,003
R32_12	0,068	0,013	0,453	0,419	0,032	0,012	0,004
R32_13	0,009	0,182	0,619	0,108	0,014	0,038	0,030
R32_14	0,108	0,011	0,065	0,809	0,003	0,002	0,003
R32_15	0,008	0,006	0,843	0,074	0,062	0,002	0,005
R32_17	0,050	0,016	0,469	0,412	0,029	0,003	0,021
R32_18	0,009	0,008	0,123	0,814	0,040	0,003	0,003
R32_19	0,005	0,097	0,530	0,214	0,143	0,007	0,004
R32_20	0,793	0,028	0,013	0,148	0,010	0,005	0,003
R33_02	0,015	0,054	0,015	0,022	0,016	0,013	0,866
R33_03	0,003	0,003	0,005	0,003	0,003	0,003	0,980
R33_04	0,012	0,006	0,007	0,005	0,006	0,041	0,923
R33_05	0,003	0,012	0,003	0,004	0,004	0,023	0,951
R33_06	0,007	0,006	0,012	0,008	0,004	0,372	0,592
R33_07	0,007	0,008	0,066	0,028	0,024	0,005	0,863
R33_08	0,028	0,023	0,017	0,006	0,014	0,009	0,905
R33_09	0,003	0,004	0,003	0,008	0,003	0,004	0,975
R33_10	0,006	0,040	0,015	0,021	0,005	0,003	0,910
R33_11	0,003	0,004	0,008	0,008	0,003	0,012	0,962
R33_12	0,002	0,007	0,003	0,003	0,003	0,003	0,979
R33_13	0,003	0,022	0,008	0,006	0,005	0,040	0,917
R33_14	0,012	0,003	0,004	0,014	0,004	0,034	0,930
R33_15	0,007	0,004	0,004	0,017	0,003	0,051	0,914
R33_16	0,003	0,006	0,004	0,004	0,021	0,077	0,885
R33_17	0,003	0,004	0,004	0,006	0,003	0,007	0,973
R33_19	0,008	0,018	0,004	0,005	0,003	0,006	0,957
R33_20	0,043	0,015	0,008	0,009	0,003	0,011	0,913
R38_01	0,004	0,007	0,003	0,003	0,977	0,003	0,003
R38_02	0,348	0,007	0,009	0,009	0,606	0,008	0,014
R38_03	0,129	0,016	0,022	0,016	0,812	0,003	0,003
R38_04	0,005	0,004	0,004	0,004	0,959	0,014	0,011
R38_05	0,004	0,006	0,009	0,007	0,960	0,009	0,005
R38_06	0,003	0,004	0,005	0,004	0,978	0,003	0,004
R38_07	0,035	0,013	0,013	0,011	0,907	0,015	0,007
R38_08	0,008	0,017	0,009	0,011	0,946	0,004	0,005
R38_09	0,010	0,205	0,026	0,013	0,736	0,003	0,007
R38_10	0,003	0,004	0,003	0,003	0,982	0,003	0,002
R38_11	0,003	0,006	0,008	0,005	0,971	0,004	0,004

Tree #	STRUCTURE (27.1.2022)						Montana
	Coastal-S?	Coastal-WA	Coast. Other	Coast. Other	BC-coastal	BC-interior	
R38_12	0,005	0,003	0,005	0,007	0,974	0,004	0,003
R38_13	0,046	0,010	0,013	0,006	0,905	0,003	0,017
R38_14	0,005	0,007	0,012	0,006	0,954	0,006	0,011
R38_15	0,009	0,011	0,006	0,007	0,956	0,007	0,005
R38_16	0,003	0,004	0,003	0,005	0,975	0,003	0,007
R38_17	0,002	0,003	0,003	0,003	0,974	0,005	0,010
R38_18	0,004	0,005	0,007	0,004	0,962	0,016	0,003
R38_19	0,008	0,050	0,006	0,006	0,915	0,008	0,008
R38_20	0,019	0,064	0,010	0,012	0,876	0,008	0,011
R39_01	0,002	0,003	0,002	0,003	0,006	0,981	0,003
R39_02	0,003	0,005	0,004	0,005	0,003	0,971	0,010
R39_03	0,004	0,005	0,010	0,015	0,003	0,804	0,160
R39_04	0,004	0,014	0,003	0,003	0,067	0,873	0,036
R39_05	0,003	0,004	0,003	0,003	0,004	0,980	0,003
R39_06	0,005	0,009	0,007	0,008	0,006	0,961	0,004
R39_07	0,033	0,027	0,085	0,023	0,005	0,816	0,012
R39_08	0,015	0,081	0,015	0,009	0,007	0,860	0,014
R39_09	0,006	0,006	0,004	0,007	0,002	0,971	0,004
R39_10	0,018	0,019	0,164	0,011	0,027	0,746	0,016
R39_11	0,003	0,005	0,003	0,003	0,007	0,566	0,412
R39_12	0,005	0,015	0,008	0,014	0,007	0,939	0,013
R39_13	0,003	0,004	0,003	0,002	0,051	0,934	0,003
R39_14	0,005	0,010	0,004	0,009	0,003	0,803	0,166
R39_15	0,006	0,005	0,004	0,005	0,003	0,973	0,005
R39_16	0,005	0,008	0,018	0,014	0,003	0,944	0,008
R39_17	0,003	0,004	0,003	0,003	0,005	0,979	0,004
R39_18	0,004	0,006	0,003	0,005	0,008	0,958	0,017
R39_19	0,021	0,183	0,145	0,067	0,052	0,502	0,031
R39_20	0,004	0,023	0,005	0,004	0,003	0,958	0,003