

Table S7 The neutralist tests of flavonoid biosynthesis genes, candidate positively genes and reference loci in *A.squarrosuum*.

Loci		Tajima's <i>D</i>	<i>D</i> *	<i>F</i> *	<i>H</i>	DH	MK	MFDM	Loci		Tajima's <i>D</i>	<i>D</i> *	<i>F</i> *	<i>H</i>	DH	MK	MFDM	
		1.485	0.689	1.092	0.253	1.000	0.446	1.000			2.044	0.685	1.292	0.446	0.932	n.a.	1.000	
<i>PAL</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				<i>CYP75B4</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				
	Middle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.					Middle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				
	Low	1.843	0.780	1.257	-0.396					Low	0.786	0.766	0.894	-1.947				
		1.837	0.491	1.044	0.073	0.953	1.000	1.000			-0.574	0.493	0.201	0.092	0.483	0.167	1.000	
<i>CHH</i>	High	0.870	0.667	0.822	-0.680				<i>CHS</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				
	Middle	0.908	0.564	0.763	-0.769					Middle	0.004	0.572	0.475	0.203				
	Low	-0.367	0.555	0.337	0.152					Low	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				
		1.073	0.639	0.916	0.101	0.790	1.000	1.000			1.179	1.330	1.513	1.213	0.255	1.000	1.000	
<i>ACL7</i>	High	1.668	0.713	1.023	0.000				<i>CHI</i>	High	-1.131	-1.193	-1.349	0.209				
	Middle	1.259	0.696	0.984	0.190					Middle	0.621	0.357	0.500	0.606				
	Low	0.612	0.698	0.784	0.045					Low	1.652	1.254	1.615	0.222				
		0.341	-1.064	-0.738	-0.426	0.766	n.a.	0.688			1.945	0.828	1.384	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	
<i>C3H</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				<i>COMT</i>	High	2.048*	1.024	1.491	n.a.				
	Middle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.					Middle	0.168	0.919	0.810	n.a.				
	Low	-0.123	-0.856	-0.744	0.256					Low	0.670	0.766	0.855	n.a.				
		1.837	0.491	1.044	-0.085	0.950	0.333	0.931			2.724*	1.204	2.022*	0.682	0.994	0.022*	0.762	
<i>FOMT</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				<i>CCoAOMT</i>	High	2.493*	1.259	1.843*	0.366				
	Middle	0.713	0.561	0.698	-0.898					Middle	2.394*	1.154	1.760*	-1.268				
	Low	-0.125	0.557	0.419	0.183					Low	1.538	1.188	1.517	-0.367				
		1.598	0.684	1.130	-0.699	0.210	0.111	0.535			0.552	1.145	1.118	-1.990	0.001*	1.000	0.214	
<i>FNS</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				<i>HCT</i>	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.				
	Middle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.					Middle	-0.629	0.507	0.197	0.091				

<i>F3'H</i>	Low	2.046*	0.761	1.318	0.180				<i>FLS</i>	Low	2.392*	1.217	1.891*	1.117				
		2.355*	0.826	1.535	0.637	0.965	1.000	1.000				1.405	-0.717	-0.025	-1.256	0.861	n.a.	0.025
	High	0.022	0.667	0.569	-1.176						High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.			
	Middle	1.895	0.919	1.402	0.645						Middle	-0.345	-0.321	-0.382	-0.953			
<i>F3H</i>	Low	-0.455	0.905	0.581	0.480				<i>ANG</i>	Low	1.191	1.047	1.267	-3.403				
		0.937	0.685	0.892	0.476	0.963	1.000	1.000				0.006	0.695	0.565	-1.638	0.346	1.000	0.046*
	High	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.						high	-0.529	0.667	0.405	0.183			
	Middle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.						middle	-0.578	0.774	0.443	-1.552			
<i>Unigene49649</i>	Low	2.195*	0.763	1.369	0.210				<i>GPI</i>	low	1.535	0.587	0.979	0.157				
		-0.302	-2.122	-1.800	-0.513	0.182	0.626	0.473				2.129*	0.767	1.480	-0.540	0.942	0.477	0.022
	high	1.505	0.667	1.011	-0.131						high	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.			
	middle	-1.147	-2.608*	-2.523*	-1.522						middle	0.735	1.024	1.092	-1.651			
<i>Prox3</i>	low	0.875	0.787	0.939	0.346				<i>ELP4</i>	low	0.331	0.752	0.727	-2.460				
		-1.685	-1.973	-1.975	-1.950	0.001*	1.000	0.087				-1.312	-0.241	-0.686	0.176	0.321	n.a.	1.000
	high	-1.165	n.a.	n.a.	n.a.						high	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.			
	middle	-1.035	-0.748	-0.958	0.224						middle	-0.892	-0.350	-0.593	0.192			
<i>Unigene25529</i>	low	-1.138	-1.723	-1.797	-1.882				<i>UNG</i>	low	-1.031	0.798	0.322	0.226				
		0.298	-1.056	-0.724	-1.696	0.153	1.000	0.030				1.143	-0.533	0.065	1.597	0.185	0.278	1.000
	high	1.318	0.885	1.144	-0.680						high	-2.034*	-2.831**	-3.006**	-5.020			
	middle	0.072	-0.702	-0.546	-1.898						middle	1.938	0.115	0.812	0.121			
<i>RUS2</i>	low	-0.495	0.928	0.593	0.321				<i>CDPK1</i>	low	-1.550	-0.281	-0.797	1.050				
		-1.053	-1.973	-1.975	-3.694	0.216	n.a.	0.026				0.616	1.425	1.356	0.338	0.615	n.a.	0.308
	high	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.						high	1.102	1.438*	1.551	1.386			
	middle	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.						middle	0.699	0.622	0.758	-1.166			
	low	-1.131	-1.750	-1.817	-1.892					low	-0.521	0.026	-0.157	0.480				