

Table S5 Chromosome-level restriction fragment (RF) quality control metrics for reduced-representation genome sequencing data

Chr	Chr length	All RF number	All RF coverage	Effective RF number	Effective RF coverage
1	122678785	67610	0.2067	49777	0.1522
2	85426708	44616	0.1959	33452	0.1468
3	91889043	51318	0.2094	38305	0.1563
4	88276631	49158	0.2088	36556	0.1553
5	88915250	44882	0.1893	33848	0.1428
6	77573801	40608	0.1963	30454	0.1472
7	80974532	45350	0.21	33613	0.1557
8	74330416	41146	0.2076	30512	0.1539
9	61074082	27598	0.1695	21342	0.131
10	69331447	36022	0.1948	27210	0.1472
11	74389097	42444	0.214	31286	0.1577
12	72498081	41704	0.2157	30784	0.1592
13	63241923	35200	0.2087	26104	0.1548
14	60966679	35688	0.2195	26089	0.1605
15	64190966	36036	0.2105	26738	0.1562
16	59632846	33052	0.2078	24418	0.1536
17	64289059	35148	0.205	26187	0.1527
18	55844845	28578	0.1919	21475	0.1442
19	53741614	31398	0.2191	23170	0.1617
20	58134056	28886	0.1863	21591	0.1393
21	50858623	28666	0.2114	21228	0.1565
22	61439934	36290	0.2215	26604	0.1624
23	52294480	30374	0.2178	22457	0.161
24	47698779	24292	0.191	18432	0.1449
25	51628933	28130	0.2043	21031	0.1528
26	38964690	18200	0.1752	14178	0.1365
27	45876710	25756	0.2105	19125	0.1563
28	41182112	21006	0.1913	15960	0.1453
29	41845238	25050	0.2245	18230	0.1634
30	40214260	22136	0.2064	16533	0.1542
31	39895921	22600	0.2124	16686	0.1568
32	38810281	23518	0.2272	17102	0.1652
33	31377067	17974	0.2148	13310	0.1591
34	42124431	23708	0.2111	17615	0.1568
35	26524999	14966	0.2116	10994	0.1554
36	30810995	18506	0.2252	13486	0.1641
37	30902991	17518	0.2126	12805	0.1554
38	23914537	13074	0.205	9822	0.154
MT	16727	8	0.1794	4	0.0897
X	123869142	69398	0.2101	51626	0.1563

ta