Kowa/1–2596 Zapa/1–2600 Mias/1–2571 Klet/1–2568	1 CTTAAACACTTCTATTTAAATGATCATACACCTGCTCACTCTCAAATACAACAACACTCTCTATCTCTATCTTTATTTTCTCTCAAGATCCCCAAACAAA	C 175 C 175
Kowa/1–2596 Zapa/1–2600 Mias/1–2571 Klet/1–2568	176 GTCCTTTCATAAAAAAAAAAAACTTAATTGTGTTTATCTTTTAAGCTGTTTTGATTTTCTTTTTTKTTTTTTCTTCTTCTTCTAGAAAAGATGTTACAAGAAGGTGGGGGAGGGA	A 349 A 348
Kowa/1–2596 Zapa/1–2600 Mias/1–2571 Klet/1–2568	347 TAACATCCAATAATTTGTTTTTAAATGGAGATTTACATAAAATAATCTTTGGAATAGAAATATGTGTATGTGTCTTTTTYCCAGTTTTTATTTTTWAATCAGTTCACTAAAAWSTTRTDAATGGYYRKYYWTATAWATRCCAGCTATATATRTATTACAAGGACAAAATCTTA 350 TAACATCCAATWATTTGTTTTTTAATGGAGATTTACATAAAATAATCATCGAGTATGTGTCTTTTTTYCCAGTTTTTATTTTTWAATCAGGTCACTAAAAWRTTRTKAATGYYRKYYWTATAWATRCCAGCTATATATATTATATACGAGATAGAAATAGTATGTGTCTTTTTTTT	A 521 A 523
Kowa/1–2596 Zapa/1–2600 Mias/1–2571 Klet/1–2568	519 AGTTATAATTTGCATTTGAAAAGTATATGTATTTGTAACTTGCTTATATATGTATATAGCACAATATATAT	A 694 A 696
Kowa/1-2596 Zapa/1-2600 Mias/1-2571 Klet/1-2568	694 ΤΑΤΤΤΤCΤCTTAGCATGTAAAACTATTTTTTGGGTGAAAAATAAGTGTTGATAGAAAATTAAAAGTACATATTTTTCCTTTTAAATTGATAGGGCAAAGAAAACATACTAATGATTATGATAGTATGATAGTATGATAGTATGAAAAATAAGTGTGGGAAAAGGGAAAAGGGAAAAGGGAAAAGGGAAAAGGGAAAA	C 869 C 871
Kowa/1-2596 Zapa/1-2600 Mias/1-2571 Klet/1-2568	869 CTCTAAATCGTCTAAAGAAGAATCRB S SGAGGTAAMTGTAGCTGAGAATATAAAAAATATTTTAATCATATCAAAGACTAAAATCTAGTTTATTAAGATTTTACTACTACTACGTCTGATTAATGATTTAATGATTTTAATCATGTAGTTTTAATGATTTTAATGATTTTAGGATTTTAATGATTTAATGATTTTAATGATTTTAATGATTTTAAGATTATAAGAATAAATAAT	T 1044 T 1043
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	1044 GGAGGGATTATCCGGGAGTAATCGGTCCTGTGATGAACGTAGAGGGTATACGTGTATCATTATTCTCTACTTTTTKYKTKTWDWWTDWGWKWTATATWYTCTMTWTWWWWWYHMRAGWGTKTTTTTTYYTTYYTWWHYYYY-YYYYCTCTATGGATTGTTA 1045 GGAGGGATTATCCGGGAGTAMTCGGTCCTGTGATGAACGAAAGTTGSAGGGTATACGTGTTATTTTTYTTGTKAATWTGGTTATTTTTATTAATYCAAGGTG-TTTTTTTYTTTYYTTKYMTWWYWWWYHMRAGWGTKTTTTTYYTTYYTYYTYYYYYYYYYYYTTYYYYYYYYTTYYYTYT	A 1216 A 1208
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	1216 TGAGAAAACAGTAAAAAACAAATGTCATGAACATTAATGCAATTAGTGCGTCCTTGTTATTAATCCACACATTTWTTTTMTTTCCCATATGCATGCCTGGTAGTGGTATGAAATATGTATG	T 1391 T 1375
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	1389 TGCTTGTGTAAGAAGTAACATGTTCACAAACAAATTCATTTGTGATGTCATATATAT	G 1566 G 1550
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	1564 GGCTATAGCTTTGGTGAGGGCCGTAACAGCTCTTTTAAACATAAACTTACCTCACGAGAATCAAATAGTTGACCTTTCTATACAACATGAAGGTACATTACAAGGTTGACGATGATGATGATGATGAAGAGAGGCTTTCTTT	G 1741 G 1717
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	1739 GATTTTGTACCGCGAGTCAATGCACCCGAATACCCGTGACAACAATGTGTTCAAGAAGTTGGTTTGCCGTCATCCAGATAAMGTAAGTCTTTACCTAGTTTAATTAATGTACGTAATATGTACGTATAATGTACGTATAATGTACGTAGATTCATACTAT 1742 GATTTTGTACYGCGAGTCAATGCACACCGAATACSCGTGACAACAATGTGTTCAAGAAGTTGGTTGCCGTCATCCAGATAAMGTAAGTCTTTTACTATTTTTCACTTCTTTAATGATAAATCWTATTGGCATGTATATATGTAYGTATAAATGTT	T 1913 T 1889
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	1911 CAAGGTAGATGAGTTCGAGTATCTCACGAACGTGAACGATGAGGAGCTTCAAGGAGTCGTGGTACAACAACCTGTGGATATTGGGATATTGCGATATGAGTTCCTTGGTATTGGATCTGTAAGATTCATTAGGAGATCATTTATACAATTTTT 1914 CAAGGTAGATGAGTTCGAGTATCTCACGAACGTGAACGAAGGAGCTTCAAGGAATCGTGGTACAACAACCTGTGGATATTGGGATATTGGGATGTGTATGGATCTGTGTATGGATCGGATATTGGGATGAGTTTCAAGTTGGATGGA	T 2088 T 2063
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	2086 TTTAAATTTGCAAATGAGTAATTGTTTTAAATTTGCAGGGAATTTATAGGTCACCAAGTGGAGATGTGGATGTCACAAGTCCTTATAATTTGCAATGGATATG	G 2257 G 2238
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	2255 GAGGCTTCGGATACGTATATCGCCGAATCAAAAGCGGTCAAGGGTCGGTGTTTTTGCAGTTGCATATCCCAAGATACGTGGTTTCCCAAGAAACAAAGATGAAGCTTGATCATCAACAAGGTAAGAATTTCGTATCTTTTTTTT	T 2432 T 2413
Zapa/1-2600 Mias/1-2571	2430 ATTECTATAATATGTTTTAACAAGATATCTAATCACTACCTCTCCACGTGTTTATATTTATT	2596 2600 2571 2568

**Figure S8.** Multiple sequence alignment of consensus genomic DNA sequence at the AhCPL1 locus. Probable coding exons are highlighted. Sequence incorperated based on the *A. lyrata* genomic assembly are highlighted in in alternating shades of blue. Additional exonic sequence incorporated from the *A.halleri* genome is highlighted in greeen