

S3 Table. Estimate of null allele frequencies for each analyzed *V. floribundum* genetic cluster and SSR locus.

Locus	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Mean
Mo001	0.089	0.131	0.088	0.091	0.100
Mo002	0.000	0.039	0.016	0.081	0.034
Mo004	0.275	0.215	0.017	0.117	0.156
Mo005	0.320	0.194	0.086	0.068	0.167
Mo007	0.224	0.142	0.052	0.048	0.117
Mo008	0.001	0.065	0.113	0.129	0.077
Mo009	0.352	0.174	0.215	0.106	0.211
Mo010	0.236	0.139	0.129	0.121	0.156
Mo011	0.001	0.126	0.048	0.000	0.044
Mo015	0.001	0.216	0.077	0.297	0.148
Mo016	0.342	0.160	0.171	0.000	0.168
Mo018	0.261	0.145	0.198	0.174	0.195
Mo020	0.176	0.150	0.104	0.224	0.163
Mo021	0.369	0.120	0.162	0.069	0.180
Mo024	0.330	0.089	0.091	0.082	0.148
Mo025	0.453	0.178	0.214	0.055	0.225

Mean: the mean frequencies over the four genetic clusters.