```
                    ┌─────────────────────────────────────────────┐
                    │ 1020 trees, 17 SSR & 15 SNPs, 56 populations │
                    └─────────────────────────────────────────────┘
                                         │
                                    CLUSTGEO    ┌ · · · · · · · · · · · ·┐
                                                : Geographic and genetic :
                                                :  euclidean distances   :
                                                └ · · · · · · · · · · · ·┘
                                         ▼
                          ┌──────────────────────────┐
                          │  7 CSUs: 376 C. siliqua   │
                          └──────────────────────────┘
                                         │
                                    RADseq QC
                                         ▼
                               ┌──────────────┐
                               │ 350 samples  │
                               └──────────────┘
                                         │
                    ┌────────────────────┴──────────────────────┐
                    ▼                                            ▼
           ┌──────────────┐                          ┌──────────────┐
           │ 36 samples   │                          │ 350 samples  │
           └──────────────┘                          └──────────────┘
                    │
     de novo assembly              Pyrad2fasta          assembly using reference
┌ · · · · · · · · · · · · · ·┐   ┌───────────┐                      ┌ · · · · · · · · · · · ·┐
: clust_threshold 0.9-0.96  :   │ Reference │                      : min_sample_locus 45   :
:  min_sample_locus 30      :   └───────────┘                      : clust_threshold 0.94  :
:  mindepth_statistical 8   :                                      └ · · · · · · · · · · · ·┘
└ · · · · · · · · · · · · · ·┘
                                        ┌────────────────────────┐
                                        │ 10012 SNPs, 64% MD     │
                                        │ 350 samples            │
                                        └────────────────────────┘
                                                   │
                                            matrix condenser
                                                   ▼
                                        ┌────────────────────────┐
                                        │ 12767 SNPs, 14% MD     │
                                        │ 190 samples            │
                                        └────────────────────────┘
                                                   │
                                            R Script    ┌ · · · · · · · · · · · · · · · · · ·┐
                                                        : 1 SNPs by locus ( max MAF per locus) :
                                                        : AF > 1.05%                           :
                                                        └ · · · · · · · · · · · · · · · · · ·┘
                                                   ▼
                                        ┌────────────────────────┐
                                        │ 3613 SNPs,  9.5% MD    │
                                        │ 190 samples            │
                                        └────────────────────────┘
                                                   │
                                            Outflank    ┌ · · · · · · · · · · · ·┐
                                                        :      qvalue false       :
                                                        : false discovery rate 5% :
                                                        └ · · · · · · · · · · · ·┘
                    ┌──────────────────────────────────┴──────────────────────────────────┐
                    ▼                                                                      ▼
┌──────────────────────────────────────┐              ┌──────────────────────────────────────────┐
│ GWN (genome wide nuclear) dataset:    │              │ 190 samples, 41 loci organelle data:      │
│ 190 samples, 3557 SNPs                │              │ 14 MH and 27 PH                            │
└──────────────────────────────────────┘              │ (mithocondrion and plastid haplotypes)    │
                                                       └──────────────────────────────────────────┘
```