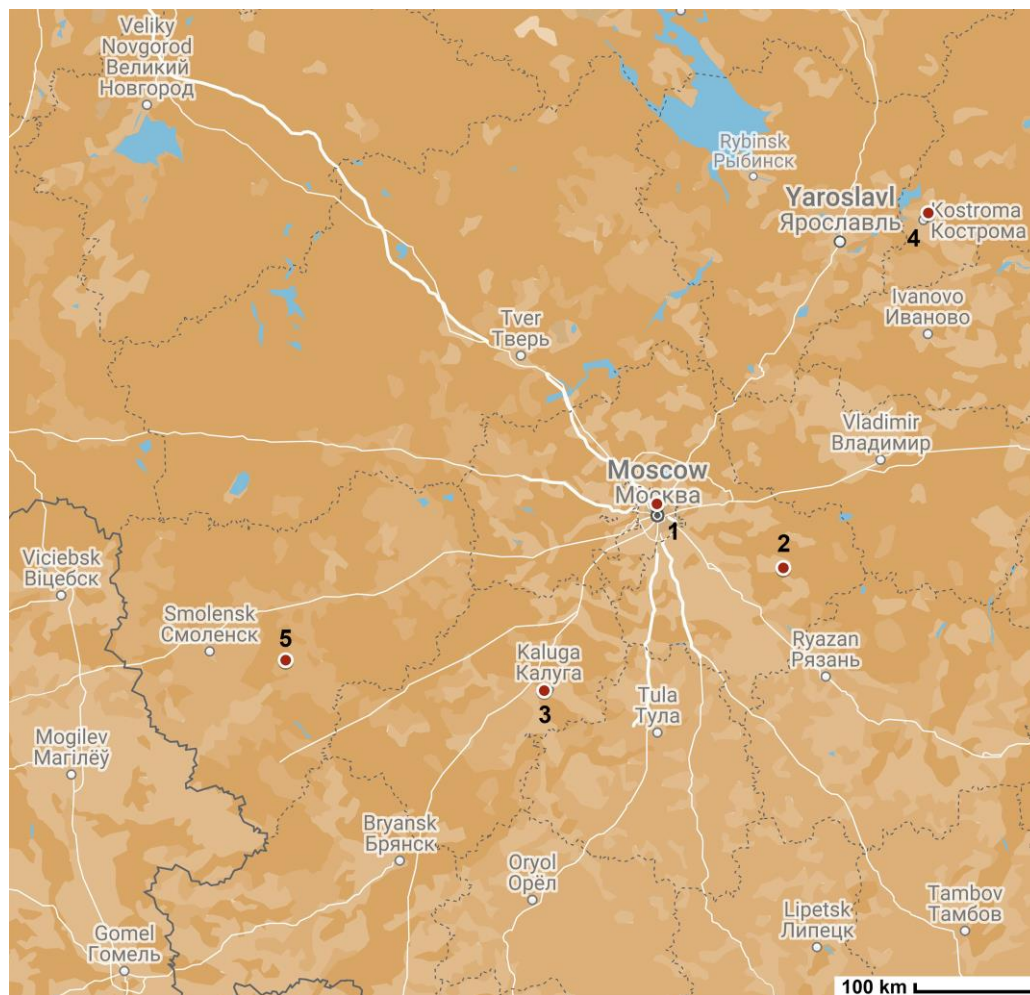
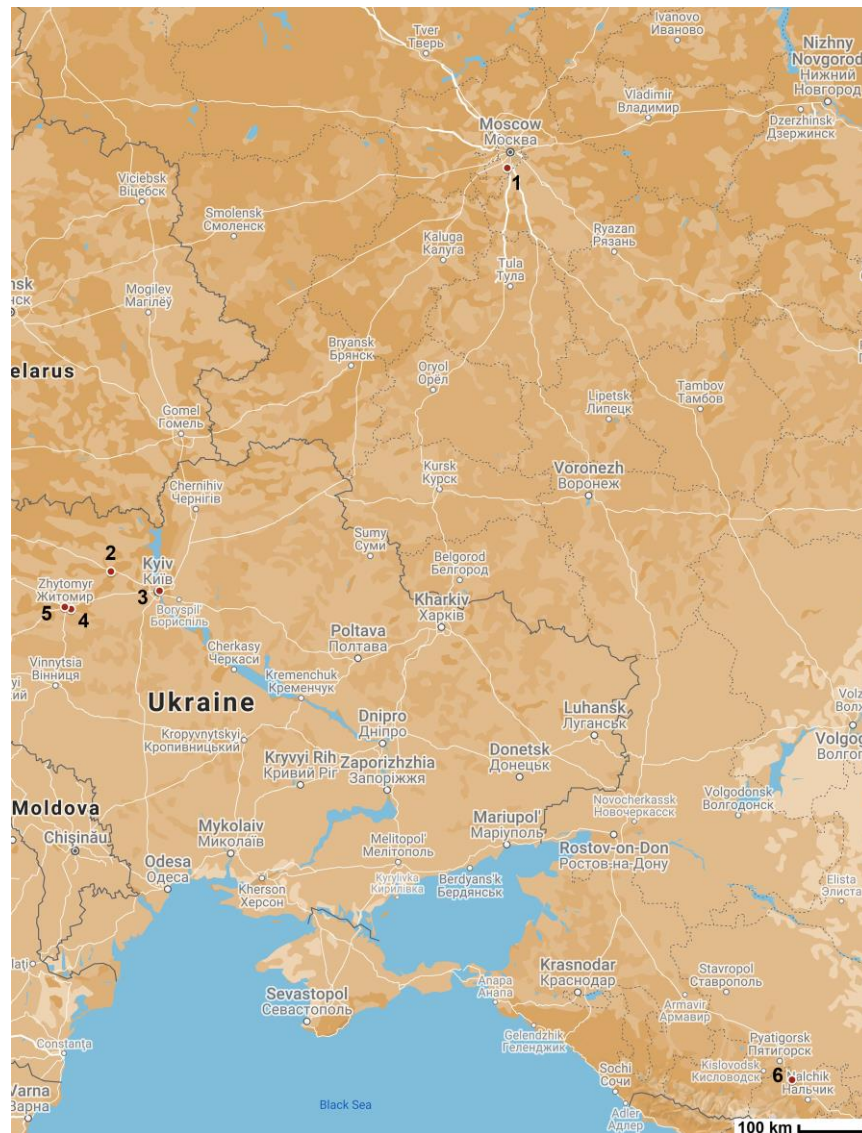


Figure S1: Map of the lupin sampled populations.



1. MBG (Moscow Botany Garden) territory, 2. Moscow region, 3. Kaluga region, 4. Kostroma region, 5 Smolensk region

Figure S2: Map of the hogweed sampled populations.



1. Moscow, Russia; 2. Peskovka, Ukraine; 3. Kiev, Ukraine; 4. Zhitomir (industrial), Ukraine; 5. Zhitomir (center), Ukraine; 6. Caucasus, Russia

Table S1: The primers used in the experiment.

technique	primer	sequence (5' - 3')	T °C	reference
RAPD	A-12	ATC-GCA-CAC-T	37	[1]
	AD-04	GTA-GGC-CTC-A	37	
	AE-07	GTG-TCA-GTG-G	37	
	AE-13	TGT-GGA-CTG-G	37	
	Ag-1	AGG-TCA-CTG-A	37	
	AH-29	TGG-TGA-CTG-A	37	
	AH-30	TGG-TCA-CTG-T	37	
	E-16	GGT-GAC-TGT-G	37	
	M-06	CTG-GGC-AAC-T	37	
	M-07	CCG-TGA-CTC-A	37	
	M-14	AGG-GTC-GTT-C	37	
	NO-15	CAG-CGA-CTG-T	37	
	O-07	CAG-CAC-TGA-C	37	
	OPA-02	TGC-CGA-GCT-G	37	
	OPA-04	AGT-CAG-CCA-C	37	
	OPC-09	CTC-ACC-GTC-C	37	
	Q-09	GGC-TAA-CCG-A	37	
	Q-20	TCG-CCC-AGT-C	37	
	R-03	ACA-CAG-AGG-G	37	
	R-06	GTC-TAC-GGC-A	37	
	R-11	GTA-GCC-GTC-T	37	
	R-12	ACA-GGT-GCG-T	37	
	V-03	CTC-CCT-GCA-A	37	
	V-20	CAG-CAT-GGT-C	37	
	X-01	CTG-GGC-ACG-A	37	
	X-15	CAG-ACA-AGC-C	37	
	G-1	CCT-GTT-AGC-C	37	
	Leb-10	AGC-CGC-AGC-T	37	
	P-10	AGG-CGG-GTA-C	37	
	P-11	AGG-CGG-GAA-CG	37	
	P-474	AGG-CGG-GAA-C	37	
	P-318	CGG-AGA-GCG-A	37	
	P-340	GAG-AGG-CAC-C	37	
	P-450	CGG-AGA-GCC-C	37	
	QR-1	CGG-TCA-CTG-T	37	
	QR-2	CGG-CCA-CTG-T	37	
	QR-3	CGG-CCC-CTG-T	37	
	QR-4	CGG-CCC-CGG-T	37	
	QR-5	CGG-CCC-CGG-C	37	
ISSR	M-1	(AC) ₈ CG	55	[2]
	M-2	(AC) ₈ C/CT	55	
	M-6	(CAC) ₅	50	
	M-7	(CAG) ₅	50	
	M-8	(GTG) ₅	50	
	M-9	(GACAC) ₄	40	
	M-10	(CA) ₆ A/GG	45	
	M-11	(CA) ₆ A/G	45	
	M-12	(CA) ₆ RY	50	
	M-13	(AGC) ₃ Y	40	
	MS1	(CA) ₈ AC	37	

	MS2	(AG) 8CA	45	[3]
	MS3	(AG) 8TA	45	
	MS4	(AC) 9T	55	[4]
	MS5	(AGC) 6T	50	
	MS6	(GAG) 6C	60	[5]
	MS7	(GA) 8CAG	55	
LTR	Wis-2-1-A	CTA-GGG-CAT-AAT-TCC-AAC-AA		[6]
	TarI	CTC-CCA-GTT-GAC-CAA-CAA		
	Tagermina	AGA-GGA-GGA-TAT-CCC-AAC-CAT		
	Thv19	GCC-CAA-CCG-ACC-AGG-TTG-TTA-CAG		
REMAP for lupine	MS7+Wis-2-1-A	(GA) 8CAG CTA-GGG-CAT-AAT-TCC-AAC-AA	55	ISSR+LTR
	MS4+TarI	(AC) 9T CTC-CCA-GTT-GAC-CAA-CAA	50	
	MS1+Tagermina	(CA) 8AC AGA-GGA-GGA-TAT-CCC-AAC-CAT	50	
	MS3+Tagermina	(AG) 8TA AGA-GGA-GGA-TAT-CCC-AAC-CAT	55	
	MS2+Thv19	(AG) 8CA GCC-CAA-CCG-ACC-AGG-TTG-TTA-CAG	50	
REMAP for hogweed	MS1+Wis-2-1-A	(CA) 8AC CTA-GGG-CAT-AAT-TCC-AAC-AA	55	ISSR+LTR
	MS1+TarI	(CA) 8AC CTC-CCA-GTT-GAC-CAA-CAA	55	
	MS2+TarI	(AG) 8CA CTC-CCA-GTT-GAC-CAA-CAA	55	
	MS3+Thv19	(AG) 8TA GCC-CAA-CCG-ACC-AGG-TTG-TTA-CAG	50	
	MS3+Tagermina	(AG) 8TA AGA-GGA-GGA-TAT-CCC-AAC-CAT	55	
	MS4+ TarI	(AC) 9T CTC-CCA-GTT-GAC-CAA-CAA	55	
	MS6+Thv19	(GAG) 6C GCC-CAA-CCG-ACC-AGG-TTG-TTA-CAG	60	

Table S2: Genetic diversity within lupin invasive population obtained by combinations of RAPD, ISSR and REMAP data

	Kostr1	Kostr2	Kostr3	Kostr4	Kostr5	Kostr6	Kostr7	Smo11	Smo12	Smo13	Smo14	Smo15	Smo16	Smo17	Smo18	Smo19	Smo110	Mosc1	Mosc2	Mosc3	Mosc4	Mosc5	Mosc6	Mosc7	Mosc8	Mosc9	Ka11	Ka12	Ka13	Ka14	Ka15	Ka16	Ka17	Ka18
Kostr1	0.000																																	
Kostr2	0.221	0.000																																
Kostr3	0.240	0.200	0.000																															
Kostr4	0.241	0.281	0.164	0.000																														
Kostr5	0.207	0.237	0.233	0.257	0.000																													
Kostr6	0.254	0.214	0.186	0.189	0.247	0.000																												
Kostr7	0.268	0.262	0.198	0.188	0.285	0.188	0.000																											
Smo11	0.259	0.301	0.285	0.321	0.313	0.313	0.367	0.000																										
Smo12	0.284	0.301	0.261	0.310	0.325	0.337	0.304	0.269	0.000																									
Smo13	0.266	0.295	0.244	0.314	0.306	0.282	0.333	0.104	0.252	0.000																								
Smo14	0.278	0.306	0.256	0.314	0.318	0.329	0.321	0.252	0.276	0.212	0.000																							
Smo15	0.237	0.266	0.227	0.285	0.276	0.253	0.314	0.126	0.234	0.069	0.218	0.000																						
Smo16	0.325	0.329	0.301	0.325	0.304	0.391	0.359	0.247	0.234	0.230	0.230	0.224	0.000																					
Smo17	0.249	0.288	0.239	0.296	0.299	0.276	0.325	0.102	0.246	0.034	0.195	0.045	0.212	0.000																				
Smo18	0.337	0.352	0.291	0.337	0.306	0.341	0.393	0.265	0.265	0.249	0.237	0.243	0.268	0.232	0.000																			
Smo19	0.277	0.294	0.243	0.314	0.293	0.281	0.333	0.113	0.250	0.042	0.210	0.076	0.241	0.053	0.247	0.000																		
Smo110	0.298	0.267	0.228	0.322	0.361	0.349	0.366	0.284	0.160	0.219	0.231	0.214	0.250	0.214	0.267	0.217	0.000																	
Mosc1	0.289	0.304	0.257	0.258	0.304	0.315	0.295	0.322	0.333	0.315	0.348	0.276	0.291	0.286	0.326	0.315	0.322	0.000																
Mosc2	0.356	0.292	0.266	0.311	0.314	0.326	0.341	0.345	0.333	0.349	0.360	0.318	0.313	0.318	0.337	0.349	0.333	0.140	0.000															
Mosc3	0.369	0.372	0.310	0.322	0.325	0.397	0.337	0.358	0.370	0.337	0.361	0.341	0.325	0.329	0.384	0.323	0.345	0.167	0.184	0.000														
Mosc4	0.342	0.383	0.292	0.317	0.321	0.384	0.377	0.395	0.368	0.358	0.321	0.337	0.360	0.350	0.370	0.321	0.316	0.247	0.280	0.241	0.000													
Mosc5	0.329	0.311	0.261	0.274	0.264	0.264	0.302	0.317	0.353	0.299	0.368	0.270	0.358	0.281	0.367	0.287	0.329	0.168	0.184	0.121	0.227	0.000												
Mosc6	0.349	0.318	0.257	0.303	0.306	0.283	0.310	0.373	0.337	0.341	0.376	0.333	0.341	0.333	0.330	0.341	0.360	0.163	0.191	0.174	0.247	0.164	0.000											
Mosc7	0.333	0.315	0.277	0.311	0.314	0.303	0.318	0.310	0.298	0.291	0.360	0.274	0.325	0.285	0.326	0.291	0.322	0.172	0.178	0.195	0.256	0.173	0.124	0.000										
Mosc8	0.337	0.352	0.270	0.271	0.318	0.318	0.298	0.337	0.337	0.307	0.341	0.289	0.329	0.289	0.341	0.295	0.337	0.134	0.149	0.131	0.200	0.122	0.162	0.127	0.000									
Mosc9	0.337	0.284	0.246	0.292	0.341	0.283	0.321	0.301	0.325	0.318	0.353	0.277	0.341	0.288	0.295	0.306	0.337	0.185	0.169	0.174	0.272	0.198	0.170	0.180	0.162	0.000								
Ka11	0.361	0.272	0.314	0.349	0.306	0.318	0.382	0.288	0.325	0.306	0.282	0.276	0.354	0.287	0.306	0.281	0.349	0.337	0.314	0.349	0.396	0.310	0.341	0.337	0.330	0.295	0.000							
Ka12	0.273	0.254	0.238	0.275	0.277	0.277	0.267	0.333	0.308	0.301	0.277	0.282	0.299	0.294	0.349	0.288	0.285	0.243	0.216	0.224	0.303	0.271	0.266	0.240	0.244	0.231	0.289	0.000						
Ka13	0.282	0.310	0.260	0.273	0.287	0.251	0.349	0.293	0.317	0.275	0.310	0.269	0.346	0.269	0.322	0.286	0.318	0.319	0.341	0.306	0.338	0.291	0.299	0.307	0.345	0.276	0.263	0.281	0.000					
Ka14	0.282	0.263	0.296	0.358	0.299	0.338	0.368	0.307	0.320	0.338	0.338	0.304	0.351	0.329	0.375	0.325	0.346	0.345	0.346	0.410	0.397	0.366	0.400	0.370	0.387	0.363	0.312	0.294	0.316	0.000				
Ka15	0.329	0.266	0.307	0.318	0.310	0.299	0.349	0.317	0.317	0.322	0.333	0.303	0.358	0.303	0.333	0.322	0.318	0.308	0.307	0.283	0.411	0.292	0.277	0.330	0.311	0.288	0.230	0.282	0.280	0.255	0.000			
Ka16	0.296	0.362	0.358	0.358	0.363	0.363	0.432	0.359	0.320	0.350	0.338	0.329	0.391	0.329	0.350	0.312	0.308	0.404	0.382	0.371	0.342	0.378	0.399	0.370	0.386	0.362	0.338	0.333	0.304	0.320	0.293	0.000		
Ka17	0.313	0.257	0.289	0.302	0.329	0.354	0.333	0.287	0.274	0.305	0.354	0.298	0.316	0.286	0.353	0.317	0.313	0.280	0.278	0.325	0.399	0.333	0.329	0.314	0.318	0.269	0.280	0.250	0.273	0.232	0.202	0.377	0.000	
Ka18	0.310	0.302	0.287	0.345	0.337	0.314	0.366	0.309	0.321	0.290	0.325	0.249	0.363	0.272	0.314	0.313	0.286	0.322	0.345	0.357	0.354	0.306	0.337	0.310	0.303	0.314	0.314	0.297	0.271	0.359	0.306	0.371	0.301	0.000

Table S3: Genetic diversity within lupin feral MBG population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	MBG1	MBG2	MBG3	MBG4	MBG5	MBG6	MBG7	MBG8	MBG9	MBG10	MBG11	MBG12	MBG13	MBG14	MBG15	MBG16	MBG17	MBG18	MBG19	MBG20	MBG21
MBG1	0.000																				
MBG2	0.275	0.000																			
MBG3	0.202	0.205	0.000																		
MBG4	0.276	0.217	0.178	0.000																	
MBG5	0.282	0.321	0.256	0.311	0.000																
MBG6	0.287	0.275	0.236	0.289	0.338	0.000															
MBG7	0.283	0.239	0.249	0.250	0.292	0.309	0.000														
MBG8	0.214	0.275	0.214	0.252	0.231	0.350	0.214	0.000													
MBG9	0.237	0.239	0.191	0.226	0.280	0.333	0.202	0.191	0.000												
MBG10	0.238	0.301	0.250	0.277	0.243	0.262	0.273	0.238	0.261	0.000											
MBG11	0.246	0.213	0.166	0.235	0.264	0.244	0.189	0.234	0.167	0.222	0.000										
MBG12	0.279	0.234	0.256	0.210	0.363	0.292	0.254	0.267	0.254	0.293	0.196	0.000									
MBG13	0.275	0.276	0.240	0.241	0.296	0.263	0.250	0.240	0.227	0.288	0.202	0.223	0.000								
MBG14	0.230	0.254	0.184	0.160	0.309	0.239	0.229	0.218	0.218	0.265	0.182	0.180	0.130	0.000							
MBG15	0.237	0.216	0.168	0.214	0.317	0.222	0.213	0.237	0.247	0.297	0.200	0.232	0.193	0.173	0.000						
MBG16	0.269	0.271	0.293	0.272	0.303	0.308	0.291	0.317	0.326	0.333	0.276	0.310	0.271	0.295	0.244	0.000					
MBG17	0.257	0.281	0.269	0.259	0.350	0.305	0.211	0.269	0.256	0.317	0.242	0.285	0.292	0.260	0.222	0.322	0.000				
MBG18	0.254	0.267	0.220	0.198	0.333	0.289	0.231	0.198	0.231	0.278	0.207	0.204	0.178	0.148	0.187	0.284	0.261	0.000			
MBG19	0.264	0.243	0.207	0.195	0.309	0.288	0.218	0.276	0.218	0.325	0.215	0.258	0.232	0.200	0.173	0.295	0.171	0.169	0.000		
MBG20	0.244	0.234	0.209	0.210	0.338	0.280	0.198	0.209	0.209	0.232	0.218	0.250	0.211	0.169	0.209	0.275	0.240	0.182	0.169	0.000	
MBG21	0.273	0.238	0.236	0.288	0.346	0.286	0.212	0.273	0.235	0.325	0.174	0.243	0.262	0.240	0.188	0.305	0.256	0.241	0.228	0.254	0.000

Table S4: Genetic diversity within lupin ‘Minaret’ variety obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Min1	Min2	Min3	Min4	Min5	Min6	Min7	Min8	Min9	Min10	Min11	Min12	Min13	Min14	Min15	Min16	Min17	Min18	Min19	Min20	Min21	Min22	Min23	Min24	Min25	Min26	Min27	Min28	Min29
Min1	0.000																												
Min2	0.181	0.000																											
Min3	0.169	0.163	0.000																										
Min4	0.202	0.219	0.195	0.000																									
Min5	0.154	0.193	0.171	0.202	0.000																								
Min6	0.224	0.193	0.170	0.214	0.178	0.000																							
Min7	0.179	0.149	0.172	0.181	0.148	0.121	0.000																						
Min8	0.207	0.189	0.189	0.209	0.207	0.195	0.186	0.000																					
Min9	0.195	0.236	0.200	0.173	0.195	0.207	0.126	0.214	0.000																				
Min10	0.195	0.165	0.165	0.174	0.173	0.172	0.140	0.191	0.153	0.000																			
Min10	0.195	0.200	0.166	0.186	0.174	0.149	0.130	0.202	0.155	0.145	0.000																		
Min12	0.168	0.234	0.162	0.183	0.170	0.217	0.195	0.188	0.163	0.224	0.176	0.000																	
Min13	0.146	0.130	0.141	0.161	0.161	0.182	0.151	0.156	0.200	0.177	0.178	0.163	0.000																
Min14	0.123	0.164	0.107	0.149	0.183	0.205	0.151	0.189	0.176	0.166	0.156	0.128	0.099	0.000															
Min15	0.214	0.184	0.207	0.240	0.235	0.272	0.227	0.220	0.257	0.244	0.243	0.243	0.117	0.173	0.000														
Min16	0.200	0.193	0.193	0.226	0.200	0.200	0.191	0.230	0.207	0.207	0.184	0.229	0.170	0.182	0.214	0.000													
Min17	0.250	0.241	0.241	0.265	0.269	0.248	0.238	0.267	0.232	0.269	0.217	0.216	0.227	0.215	0.263	0.223	0.000												
Min18	0.165	0.182	0.148	0.191	0.146	0.200	0.124	0.173	0.160	0.161	0.151	0.170	0.138	0.138	0.225	0.166	0.247	0.000											
Min19	0.198	0.157	0.146	0.189	0.187	0.175	0.167	0.238	0.205	0.205	0.182	0.179	0.115	0.126	0.178	0.186	0.232	0.143	0.000										
Min20	0.195	0.189	0.189	0.175	0.185	0.184	0.143	0.180	0.214	0.191	0.180	0.211	0.135	0.157	0.165	0.173	0.217	0.141	0.118	0.000									
Min21	0.197	0.215	0.190	0.175	0.233	0.235	0.176	0.241	0.154	0.155	0.157	0.215	0.202	0.155	0.236	0.198	0.208	0.186	0.207	0.193	0.000								
Min22	0.216	0.220	0.209	0.207	0.194	0.205	0.207	0.211	0.212	0.189	0.178	0.233	0.165	0.187	0.184	0.159	0.252	0.182	0.169	0.178	0.167	0.000							
Min23	0.205	0.232	0.186	0.172	0.183	0.227	0.173	0.233	0.165	0.200	0.133	0.163	0.165	0.165	0.251	0.205	0.264	0.149	0.169	0.189	0.190	0.176	0.000						
Min24	0.208	0.224	0.212	0.235	0.253	0.195	0.198	0.274	0.266	0.227	0.226	0.275	0.176	0.176	0.246	0.159	0.232	0.183	0.181	0.179	0.192	0.212	0.224	0.000					
Min25	0.241	0.233	0.233	0.254	0.204	0.216	0.184	0.246	0.236	0.247	0.223	0.246	0.198	0.220	0.264	0.228	0.316	0.170	0.191	0.178	0.252	0.209	0.164	0.224	0.000				
Min26	0.202	0.207	0.160	0.205	0.225	0.214	0.170	0.198	0.210	0.234	0.198	0.183	0.172	0.172	0.216	0.238	0.277	0.145	0.177	0.198	0.200	0.230	0.172	0.235	0.195	0.000			
Min27	0.190	0.195	0.149	0.205	0.158	0.168	0.148	0.209	0.198	0.209	0.164	0.160	0.140	0.128	0.216	0.202	0.200	0.146	0.144	0.165	0.212	0.207	0.184	0.210	0.230	0.170	0.000		
Min28	0.205	0.277	0.164	0.207	0.194	0.182	0.207	0.211	0.235	0.246	0.211	0.198	0.187	0.165	0.218	0.205	0.288	0.171	0.180	0.157	0.250	0.198	0.253	0.224	0.186	0.172	0.162	0.000	
Min29	0.159	0.176	0.200	0.210	0.184	0.207	0.163	0.202	0.166	0.190	0.179	0.188	0.143	0.166	0.221	0.172	0.231	0.172	0.193	0.191	0.205	0.177	0.177	0.239	0.235	0.210	0.209	0.246	0.000

Table S5: Genetic diversity within hogweed Moscow invasive population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Mosc1	Mosc2	Mosc3	Mosc4	Mosc5	Mosc6	Mosc7	Mosc8	Mosc9	Mosc10	Mosc11	Mosc12	Mosc13	Mosc14	Mosc15
Mosc1	0.000														
Mosc2	0.447	0.000													
Mosc3	0.531	0.378	0.000												
Mosc4	0.375	0.566	0.522	0.000											
Mosc5	0.333	0.404	0.385	0.333	0.000										
Mosc6	0.400	0.349	0.458	0.363	0.440	0.000									
Mosc7	0.393	0.469	0.370	0.440	0.457	0.500	0.000								
Mosc8	0.500	0.422	0.360	0.478	0.462	0.375	0.460	0.000							
Mosc9	0.360	0.349	0.333	0.364	0.400	0.391	0.569	0.292	0.000						
Mosc10	0.347	0.333	0.606	0.349	0.347	0.333	0.451	0.404	0.457	0.000					
Mosc11	0.255	0.273	0.429	0.244	0.333	0.362	0.358	0.551	0.519	0.348	0.000				
Mosc12	0.412	0.409	0.347	0.467	0.451	0.447	0.396	0.265	0.362	0.345	0.458	0.000			
Mosc13	0.422	0.526	0.442	0.436	0.467	0.366	0.404	0.442	0.366	0.550	0.381	0.333	0.000		
Mosc14	0.429	0.476	0.489	0.349	0.429	0.378	0.412	0.362	0.422	0.318	0.391	0.435	0.550	0.000	
Mosc15	0.250	0.388	0.222	0.360	0.321	0.385	0.217	0.333	0.346	0.333	0.321	0.358	0.404	0.333	0.000

Table S6: Genetic diversity within hogweed Peskovka invasive population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Pesk1	Pesk2	Pesk3	Pesk4	Pesk5	Pesk6	Pesk7	Pesk8	Pesk9	Pesk10	Pesk11	Pesk12	Pesk13	Pesk14	Pesk15	Pesk16	Pesk17	Pesk18	Pesk19	Pesk20
Pesk1	0.000																			
Pesk2	0.469	0.000																		
Pesk3	0.393	0.257	0.000																	
Pesk4	0.451	0.385	0.474	0.000																
Pesk5	0.434	0.343	0.322	0.407	0.000															
Pesk6	0.600	0.438	0.464	0.490	0.678	0.000														
Pesk7	0.509	0.296	0.333	0.448	0.433	0.368	0.000													
Pesk8	0.519	0.382	0.400	0.418	0.333	0.481	0.410	0.000												
Pesk9	0.571	0.286	0.355	0.474	0.423	0.536	0.270	0.333	0.000											
Pesk10	0.551	0.460	0.418	0.480	0.577	0.224	0.393	0.472	0.527	0.000										
Pesk11	0.533	0.324	0.333	0.443	0.429	0.433	0.343	0.375	0.333	0.356	0.000									
Pesk12	0.448	0.333	0.406	0.424	0.410	0.483	0.292	0.355	0.313	0.474	0.265	0.000								
Pesk13	0.429	0.403	0.362	0.344	0.455	0.397	0.371	0.373	0.420	0.419	0.260	0.380	0.000							
Pesk14	0.410	0.333	0.284	0.419	0.313	0.574	0.382	0.446	0.403	0.600	0.437	0.333	0.324	0.000						
Pesk15	0.460	0.247	0.362	0.344	0.394	0.397	0.343	0.373	0.391	0.516	0.397	0.408	0.342	0.324	0.000					
Pesk16	0.370	0.441	0.467	0.491	0.368	0.630	0.508	0.379	0.500	0.585	0.438	0.355	0.493	0.385	0.373	0.000				
Pesk17	0.500	0.364	0.448	0.547	0.455	0.500	0.356	0.429	0.448	0.569	0.548	0.433	0.508	0.397	0.292	0.429	0.000			
Pesk18	0.451	0.342	0.294	0.429	0.385	0.484	0.362	0.394	0.500	0.541	0.417	0.371	0.333	0.260	0.253	0.364	0.344	0.000		
Pesk19	0.481	0.529	0.567	0.418	0.474	0.556	0.443	0.414	0.467	0.585	0.469	0.323	0.373	0.446	0.343	0.345	0.393	0.303	0.000	
Pesk20	0.538	0.455	0.448	0.434	0.491	0.462	0.390	0.500	0.448	0.608	0.419	0.433	0.354	0.365	0.323	0.536	0.407	0.375	0.357	0.000

Table S7: Genetic diversity within hogweed Kiev invasive population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Kiev1	Kiev2	Kiev3	Kiev4	Kiev5	Kiev6	Kiev7	Kiev8	Kiev9	Kiev10	Kiev11	Kiev12	Kiev13	Kiev14	Kiev15	Kiev16	Kiev17
Kiev1	0.000																
Kiev2	0.404	0.000															
Kiev3	0.456	0.516	0.000														
Kiev4	0.485	0.483	0.347	0.000													
Kiev5	0.423	0.622	0.426	0.475	0.000												
Kiev6	0.429	0.441	0.373	0.360	0.417	0.000											
Kiev7	0.447	0.463	0.295	0.483	0.435	0.462	0.000										
Kiev8	0.416	0.505	0.400	0.444	0.459	0.429	0.485	0.000									
Kiev9	0.379	0.473	0.500	0.490	0.386	0.431	0.429	0.455	0.000								
Kiev10	0.396	0.381	0.333	0.407	0.468	0.432	0.600	0.379	0.484	0.000							
Kiev11	0.373	0.540	0.500	0.468	0.402	0.510	0.333	0.491	0.417	0.483	0.000						
Kiev12	0.500	0.545	0.546	0.495	0.429	0.495	0.477	0.346	0.443	0.511	0.484	0.000					
Kiev13	0.406	0.551	0.469	0.417	0.354	0.460	0.371	0.500	0.265	0.473	0.298	0.453	0.000				
Kiev14	0.420	0.364	0.505	0.432	0.490	0.475	0.455	0.346	0.443	0.444	0.570	0.447	0.516	0.000			
Kiev15	0.468	0.537	0.473	0.416	0.457	0.462	0.317	0.485	0.451	0.452	0.356	0.300	0.438	0.432	0.000		
Kiev16	0.462	0.435	0.406	0.455	0.451	0.437	0.478	0.333	0.465	0.404	0.505	0.286	0.434	0.408	0.522	0.000	
Kiev17	0.366	0.506	0.469	0.438	0.374	0.500	0.483	0.407	0.347	0.516	0.426	0.432	0.292	0.411	0.506	0.414	0.000

Table S8: Genetic diversity within hogweed Zhitomir industrial zone invasive population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Zh(ind)1	Zh(ind)2	Zh(ind)3	Zh(ind)4	Zh(ind)5	Zh(ind)6	Zh(ind)7	Zh(ind)8	Zh(ind)9	Zh(ind)10	Zh(ind)11	Zh(ind)12	Zh(ind)13	Zh(ind)14
Zh(ind)1	0.000													
Zh(ind)2	0.344	0.000												
Zh(ind)3	0.469	0.487	0.000											
Zh(ind)4	0.397	0.388	0.624	0.000										
Zh(ind)5	0.407	0.467	0.447	0.420	0.000									
Zh(ind)6	0.397	0.405	0.419	0.333	0.375	0.000								
Zh(ind)7	0.365	0.387	0.491	0.410	0.388	0.640	0.000							
Zh(ind)8	0.385	0.469	0.389	0.396	0.449	0.424	0.242	0.000						
Zh(ind)9	0.424	0.418	0.416	0.421	0.533	0.471	0.514	0.406	0.000					
Zh(ind)10	0.424	0.538	0.216	0.453	0.449	0.531	0.407	0.467	0.453	0.000				
Zh(ind)11	0.519	0.579	0.590	0.520	0.600	0.536	0.513	0.379	0.456	0.455	0.000			
Zh(ind)12	0.328	0.275	0.504	0.353	0.318	0.414	0.317	0.457	0.492	0.364	0.276	0.000		
Zh(ind)13	0.496	0.446	0.565	0.480	0.574	0.528	0.540	0.415	0.429	0.529	0.431	0.581	0.000	
Zh(ind)14	0.469	0.504	0.431	0.452	0.512	0.452	0.456	0.420	0.487	0.450	0.504	0.520	0.304	0.000

Table S9: Genetic diversity within hogweed Zhitomir center invasive population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Zh (c) 1	Zh (c) 2	Zh (c) 3	Zh (c) 4	Zh (c) 5	Zh (c) 6	Zh (c) 7	Zh (c) 8	Zh (c) 9	Zh (c) 10	Zh (c) 11	Zh (c) 12	Zh (c) 13	Zh (c) 14	Zh (c) 15	Zh (c) 16	Zh (c) 17	Zh (c) 18	Zh (c) 19
Zh (c) 1	0.000																		
Zh (c) 2	0.483	0.000																	
Zh (c) 3	0.560	0.406	0.000																
Zh (c) 4	0.516	0.480	0.476	0.000															
Zh (c) 5	0.443	0.440	0.610	0.520	0.000														
Zh (c) 6	0.490	0.385	0.436	0.524	0.495	0.000													
Zh (c) 7	0.458	0.500	0.462	0.475	0.466	0.472	0.000												
Zh (c) 8	0.491	0.388	0.474	0.468	0.514	0.517	0.455	0.000											
Zh (c) 9	0.538	0.424	0.393	0.477	0.358	0.474	0.482	0.475	0.000										
Zh (c) 10	0.467	0.414	0.434	0.407	0.528	0.426	0.395	0.445	0.436	0.000									
Zh (c) 11	0.451	0.429	0.475	0.468	0.417	0.465	0.474	0.505	0.456	0.481	0.000								
Zh (c) 12	0.576	0.417	0.402	0.471	0.519	0.248	0.456	0.434	0.405	0.482	0.469	0.000							
Zh (c) 13	0.375	0.419	0.462	0.495	0.406	0.472	0.440	0.491	0.407	0.450	0.495	0.534	0.000						
Zh (c) 14	0.448	0.278	0.532	0.445	0.455	0.629	0.450	0.400	0.484	0.442	0.426	0.528	0.400	0.000					
Zh (c) 15	0.485	0.488	0.352	0.540	0.412	0.477	0.446	0.532	0.468	0.382	0.500	0.481	0.606	0.421	0.000				
Zh (c) 16	0.486	0.429	0.434	0.500	0.509	0.478	0.450	0.546	0.453	0.254	0.462	0.500	0.486	0.457	0.436	0.000			
Zh (c) 17	0.464	0.392	0.486	0.520	0.333	0.439	0.465	0.477	0.450	0.473	0.355	0.442	0.465	0.471	0.490	0.436	0.000		
Zh (c) 18	0.519	0.409	0.393	0.477	0.413	0.316	0.463	0.458	0.431	0.436	0.476	0.315	0.444	0.406	0.413	0.419	0.468	0.000	
Zh (c) 19	0.479	0.419	0.558	0.475	0.505	0.434	0.480	0.491	0.519	0.486	0.432	0.495	0.260	0.400	0.505	0.505	0.505	0.444	0.000

Table S10: Genetic diversity within hogweed Caucasus native population obtained by combination of RAPD, ISSR and REMAP data

	Cau1	Cau2	Cau3	Cau4	Cau5	Cau6	Cau7	Cau8	Cau9	Cau10	Cau11	Cau12	Cau13	Cau14
Cau1	0000													
Cau2	0.548	0000												
Cau3	0.553	0.455	0000											
Cau4	0.566	0.405	0.528	0000										
Cau5	0.570	0.469	0.354	0.500	0000									
Cau6	0.580	0.651	0.494	0.526	0.581	0000								
Cau7	0.529	0.511	0.363	0.600	0.244	0.538	0000							
Cau8	0.506	0.578	0.516	0.425	0.511	0.564	0.585	0000						
Cau9	0.500	0.548	0.532	0.739	0.355	0.580	0.318	0.529	0000					
Cau10	0.535	0.538	0.500	0.506	0.473	0.620	0.566	0.325	0.458	0000				
Cau11	0.500	0.567	0.492	0.494	0.464	0.553	0.467	0.461	0.413	0.511	0000			
Cau12	0.485	0.392	0.515	0.565	0.529	0.511	0.468	0.532	0.546	0.516	0.426	0000		
Cau13	0.515	0.370	0.505	0.531	0.481	0.479	0.520	0.540	0.515	0.564	0.402	0.339	0000	
Cau14	0.511	0.495	0.520	0.596	0.556	0.586	0.538	0.560	0.553	0.522	0.490	0.379	0.358	0000

1. Osipova, E.S.; Koveza, O.V.; Troitskij, A.V.; Dolgikh, Y.I.; Shamina, Z.B.; Gostimskij, S.A. Analysis of specific RAPD and ISSR fragments in maize (*Zea mays* L.) somaclones and development of SCAR markers on their basis. *Russ. J. Genet.* **2003**, *39*, 1412–1419, doi:10.1023/B:RUGE.0000009156.74246.bc.
2. Motawei, M.I.; Al-Doss, A.A.; Moustafa, K.A. Genetic diversity among selected wheat lines differing in heat tolerance using molecular markers. *J. Food, Agric. Environ.* **2007**, *5*, 180–183.
3. El Maati F.B.; Jlibéne, M.; Moumni M. Study of the polymorphism of common wheat using ISSR markers. *Int. J. food, Agric. Environ.* **2004**, *2*, 121–125.
4. Dolgikh, Yu.I.; Solov'eva, A.I.; Tereshonok, D.V. Variability of DNA markers in *Arabidopsis thaliana* cultured cells under standard growing conditions and under the influence of stressors. *Biology Bulletin* **2017**, *44*, 120–127, doi:10.1134/S1062359017020042.
5. Galaev, A.V.; Babayants, L.T.; Sivolap, Y.M. Detection of the introgression of genome elements of the *Aegilops cylindrica* Host. into the *Triticum aestivum* L. genome by ISSR and SSR analysis. *Genetika* **2004**, *40*, 1654–1661, doi:10.1007/s11177-005-0007-y.
6. Queen, R.A.; Gribbon, B.M.; James, C.; Jack, P.; Flavell, A.J. Retrotransposon-based molecular markers for linkage and genetic diversity analysis in wheat. *Mol. Genet. Genomics* **2004**, *271*, 91–97, doi:10.1007/s00438-003-0960-x.