

Table S1. List of resistance genes/QTLs associated with clubroot diseases in related *Brassica* spp.

Species	Mapping population	Pathotype/Race/Isolate	Gene locus/QTL	Chr/LG	Reference
<i>B. rapa</i>	F2:3, BC1	Race 2	<i>CRa</i>	A03	[144]
<i>B. rapa</i> subsp. <i>pekinensis</i>	F2, F3	Race 6	<i>CR6a</i>	G1	[371]
			<i>CR6b</i>	G3	
<i>B. rapa</i>	F2	Isolates Wakayama-01, Ano-01 (pathotype group 4)	<i>Crr1</i>	A08	[145]
			<i>Crr2</i>	A01	
<i>B. rapa</i>	F2	Isolates Wakayama-01 and Ano-01 (pathotype 4)	<i>Crr4</i>	A06	[146]
<i>B. rapa</i>	F2:3	Isolate Ano-01	<i>Crr3</i>	A03	[372,95]
<i>B. rapa</i>	F2, BC	Race 2	<i>CRa</i>	A03	[373]
<i>B. rapa</i>	F2	Isolates M85 and K04	<i>CRa</i> ,	A03	[147]
			<i>CRk</i>	A03	
			<i>CRc</i>	A02	
<i>B. rapa</i>	F2	Race 4	<i>Pb-Br3</i>	A03	[374]
			<i>Pb-Br8</i>	A08	

<i>B. rapa</i>	F2	Race 2	<i>CRa</i>	A03	[121]
<i>B. rapa</i>	F2	Race 4, Pathotypes 3	<i>CRb</i>	A03	[97,375,96],
<i>B. rapa</i> spp. <i>chinensis</i>	BC1	pathotype 3	<i>RPb1</i>	A03	[376]
<i>B. rapa</i>	F2	Isolate Ano-01 (pathotype group 4)	<i>Crr1a, Crr1b</i>	A08	[120]
<i>B. rapa</i>	BC1F2	pathotypes 2, 4, 7, and 10	<i>PbBa1.1</i>	A01	[377]
			<i>PbBa3.1</i>	A03	
			<i>PbBa8.1</i>	A08	
			<i>PbBa3.2</i>	A03	
			<i>PbBa3.3</i>	A03	
<i>B. rapa</i>	F2	Pathotype 4	<i>CRa, CRb,</i> and <i>CRb^{Kato}</i>	A03	[98]
<i>B. rapa</i>	BC1	Pathotype 3	<i>Rcr1</i>	A03	[99]
<i>B. rapa</i>	F ₂	Race 4	<i>QS_B1.1</i>	A01	[378]
			<i>QS_B3.1</i>	A03	
			<i>QS_B8.1</i>	A08	

<i>B. rapa</i>	F2	Pathotypes 2, 5 and 6	<i>Rcr1</i>	A03	[104]
<i>B. rapa</i>	BC1	pathotypes 2, 3, 5, 6, 8 pathotype 5x	<i>Rcr4</i>	A03	[111]
			<i>Rcr8</i>	A02	
			<i>Rcr9</i>	A08	
<i>B. rapa</i>	F2	Pathotype 3	<i>Rcr2</i>	A03	[105]
<i>B. rapa</i>	BC1	-	<i>CrrA5</i>	A05	[379]
<i>B. rapa</i> <i>ssp. pekinensis</i>	F2	Race 4	<i>Crd</i>	A03	[112]
<i>B. rapa</i>	BC1	Canadian field isolates	<i>BraA.CR.a</i> , <i>BraA.CR.c</i>	A03	[380]
			<i>BraA.CR.b</i> ,	A08	
<i>B. rapa</i>	F2	Pathotype 3	<i>Rcr5</i>	A03	[108]
<i>B. rapa</i>	F2	pathotype 4	<i>CRs</i>	A08	[113]
<i>B. rapa</i>	F2	Pathotype 4	<i>CRs</i>	A08	[113]
<i>B. rapa</i>	F2, BC	Pathotype 3	<i>Rcr6</i>	A08	[107]
<i>B. rapa</i>	BC1	Pathotypes 3H and 5X	<i>Rcr3</i> , <i>Rcr9^{wa}</i>	A08	[109]
<i>B. rapa</i>	DH	pathotype “Banglim”	<i>PbBrA08^{Banglim}</i>	A08	[114]
	F2	Pathotypes 3H,	<i>CRa/CRbKato</i>	A03	[150]

<i>B. rapa</i> subsp. <i>rapifera</i>		5X and 5G	<i>Crr1</i>	A08	
<i>B. campestris</i> ssp. <i>Chinensis</i> Makino	F2	Race 7	<i>qBrCR38-1</i>	A07	[381]
			<i>qBrCR38-2</i>	A08	
<i>B. napus</i>	DH	Pb137–522 and K92–16	<i>Pb-Bn1</i> (DY4)	DY4	[382]
			Two QTLs	<i>DY4, DY15</i>	
<i>B. napus</i>	DH	Isolates Korporal, K, 01.07, 1, 01:60, e4x04, and a	Nineteen QTLs	N02, N03, N08, N13, N15, N16 and N19	[151]
<i>B. napus</i>	DH	Pathotype 3	<i>CRa</i> or <i>CRb</i>	A03	[383]
<i>Brassica napus</i> var. <i>napobrassica</i>	DH	Pathotypes 2, 3, 5, 6, and 8	<i>QTL</i>	A08	[303]
<i>B. napus</i>	DH	Pathotype 3	<i>CRa</i>	A3	[384]
<i>B. napus</i>	Association mapping population (472)	Pathotype 4	<i>MCR-C3</i>	C03	[385]
			<i>MCR-C9</i>	C09	
			<i>MCR-A4</i>	A04	
			<i>MCR-C3</i>	C03	
			<i>SCR-A10a</i>	A10	

			SCR-C6	C06	
			SCR-A10b	A10	
			SCR-C3	C03	
			SCR-C4a	C04	
			SCR-C4b	C04	
<i>B. napus</i>	DH	Isolates eH and K92-16.	20 QTLs (Isolate eH)	A05, A07, C01, C02, C03, C09	[386]
			13 QTLs (Isolate K92-16)	A03, A09, C02, C03	
<i>B. napus</i>	DH	Isolate eH	15 QTLs	A07, C02, A07	[387]
<i>B. nigra</i>	F2	Pathotype 3	<i>Rcr6</i>	B03	[107]
<i>B. napus</i>	Association mapping panel (245)	ECD 17/31/31	Two major loci	A02, A03	[248]
<i>B. napus</i>	DH	Pathotype P1	C03_19.48	C03	[388]
			C09_58.88	C09	

<i>B. napus</i> <i>ssp. napobrassica</i>	<i>B. napus</i> <i>ssp. napobrassica</i> accessions (124)	2F, 3H, 5L, 6M, 8N, 2B, 3A, 3O, 5C, 5G, 5K, 5L, and 8P	45 SNPs, four PCR based markers	A03, A08	[389]
<i>B. napus</i>	DH	Pathotype P1	<i>PbBn_di_A02</i>	A02	[390]
			<i>PbBn_di_A04</i>	A04	
			<i>PbBn_di_C03</i>	C03	
			<i>PbBn_rsp_C03</i>	C03	
<i>B. napus</i>	DH	Field isolate (Lower Silesian Province, Poland)	<i>Crr3Tsc</i>	A03	[116]
<i>B. napus</i>	<i>B. napus</i> accessions (177)	pathotypes 5X, 3A, 2B, and 3D	13 SNPs	A01, A03, A04, A05, C03, C07 and C09	[391]
<i>B. napus</i>	DH	pathotypes 3A, 3D, 3H	<i>Rcr10^{ECD01}</i>	A03	[117]
		pathotypes 3A, 3D, 3H, and 5X	<i>Rcr9^{ECD01}</i>	A08	