

Figure S1. MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from CF = *Capocoris fuscispinus* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S2

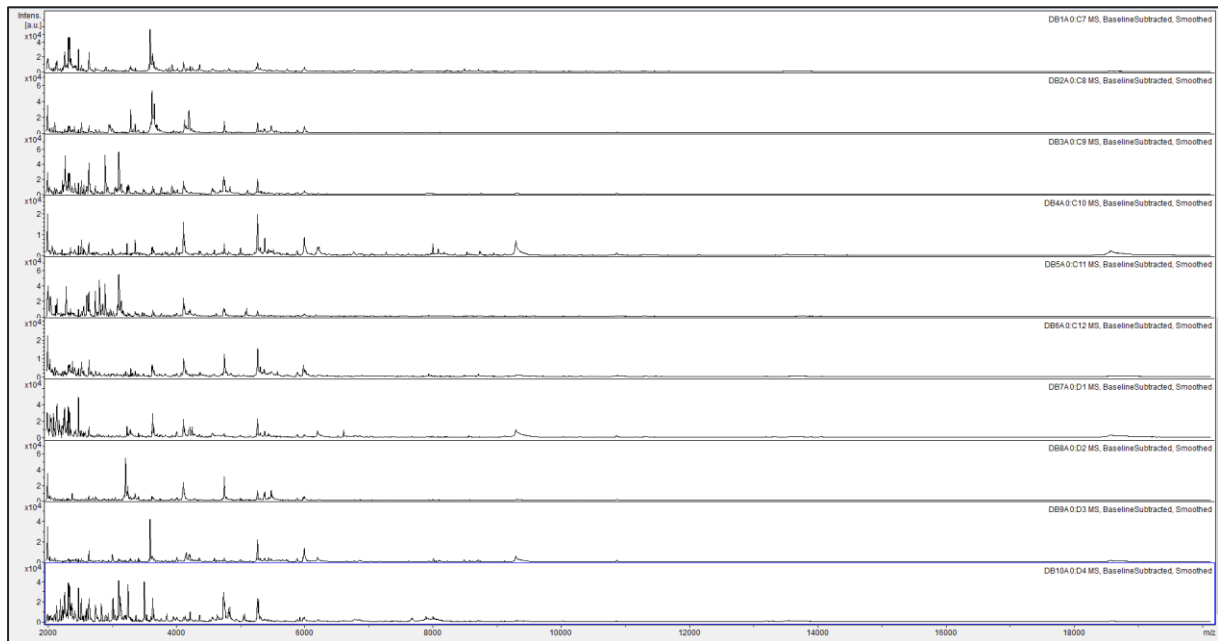


Figure S2 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from DB = *Dolycoris baccarum* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S3

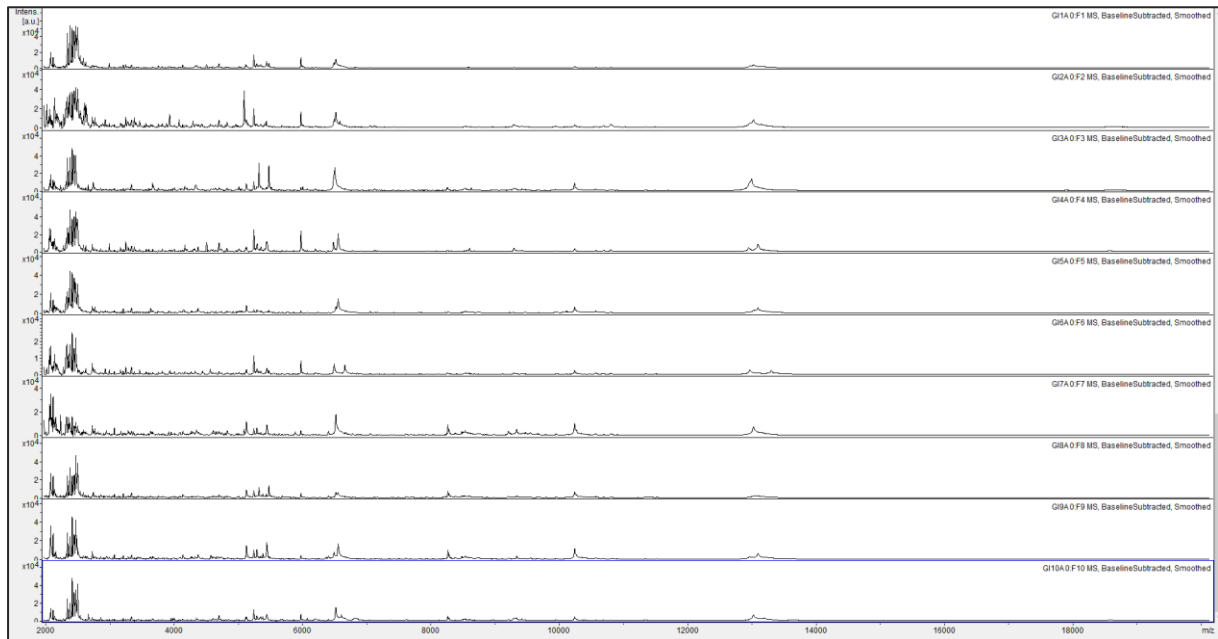


Figure S3 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from GI = *Graphosoma italicum* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S4

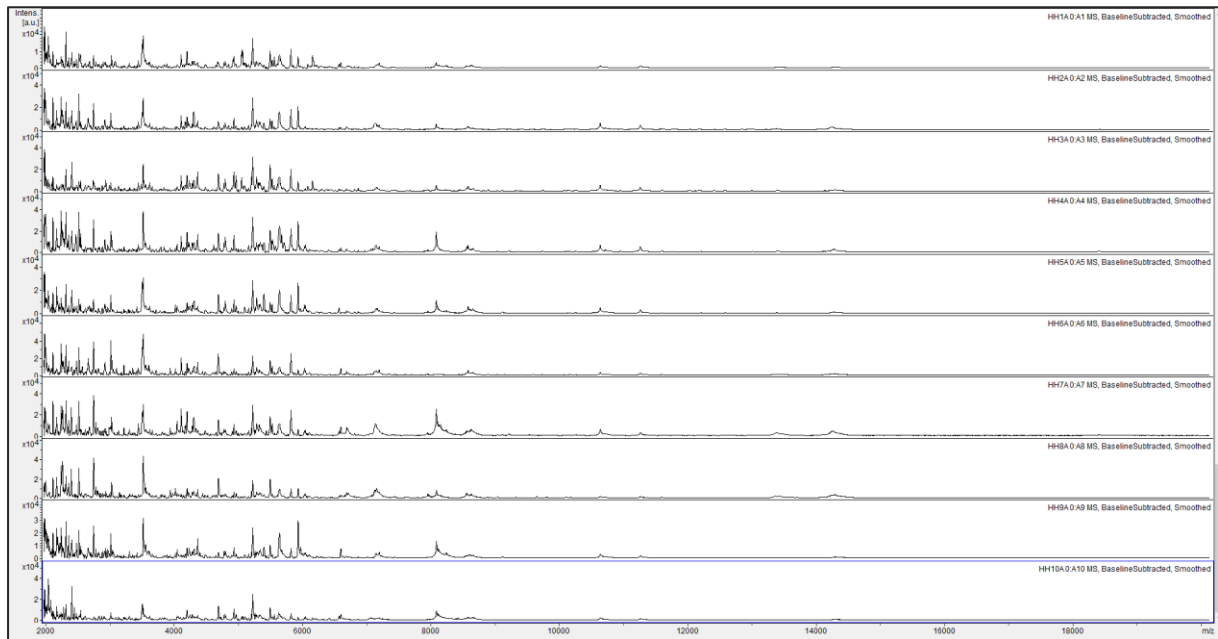


Figure S4 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from HH = *Halyomorpha halys* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S5

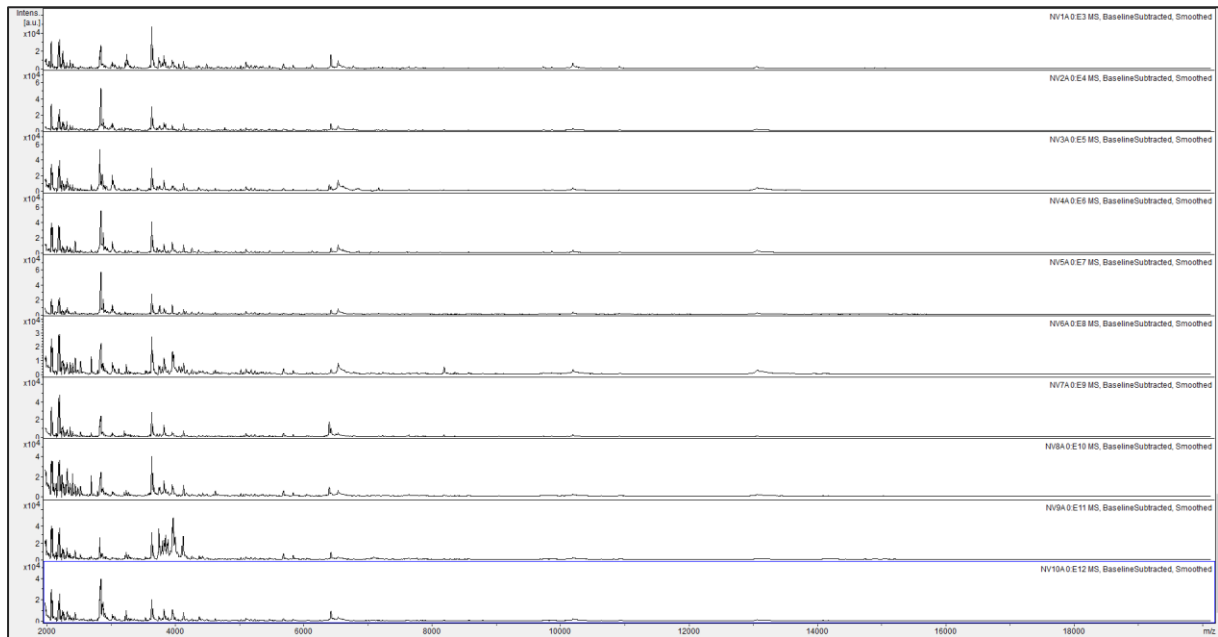


Figure S5 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from NV = *Nezara viridula* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S6

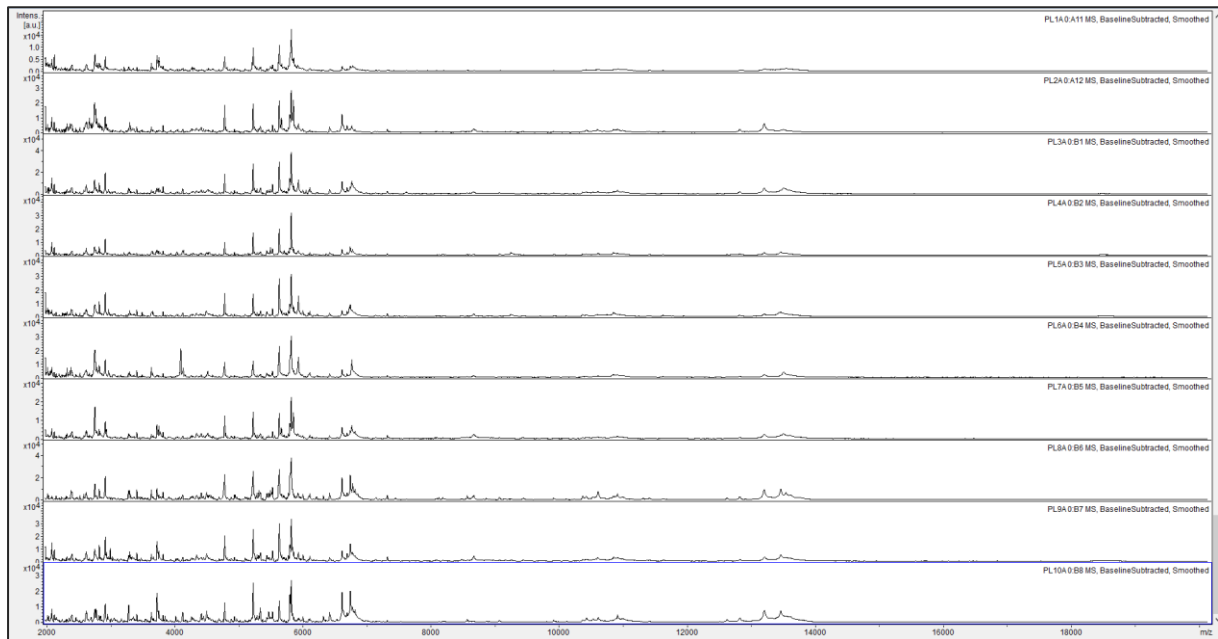


Figure S6 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from PL = *Piezodorus lituratus* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S7

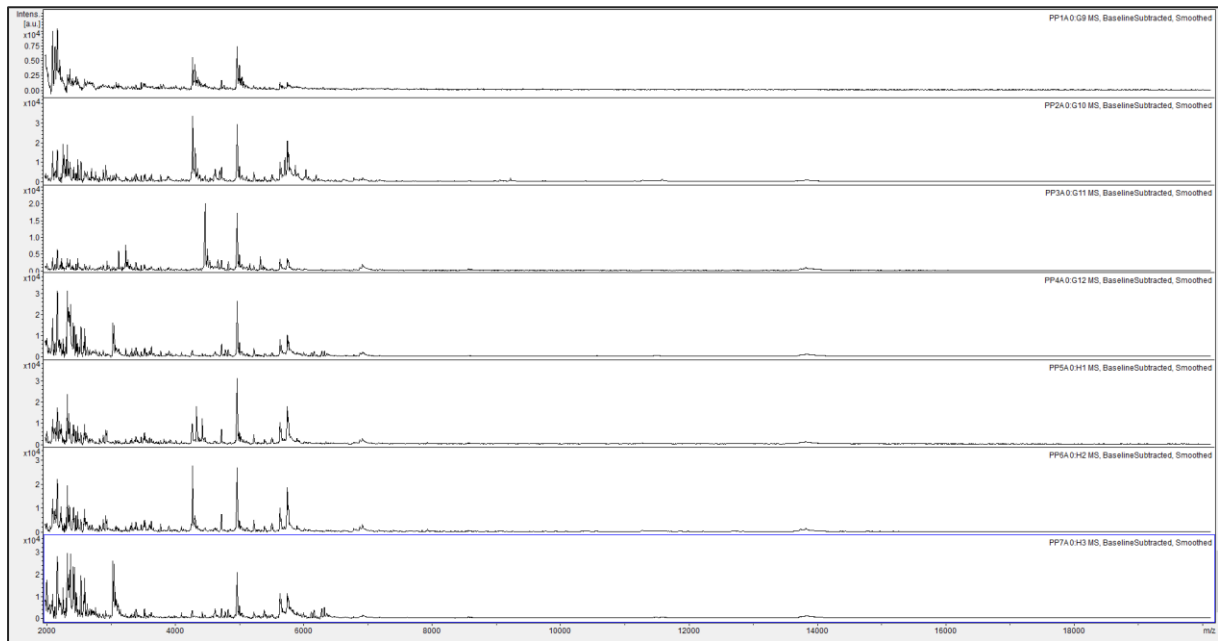


Figure S7 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from PP = *Palomena prasina* with, from top to bottom, replicates 1 to 7. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S8

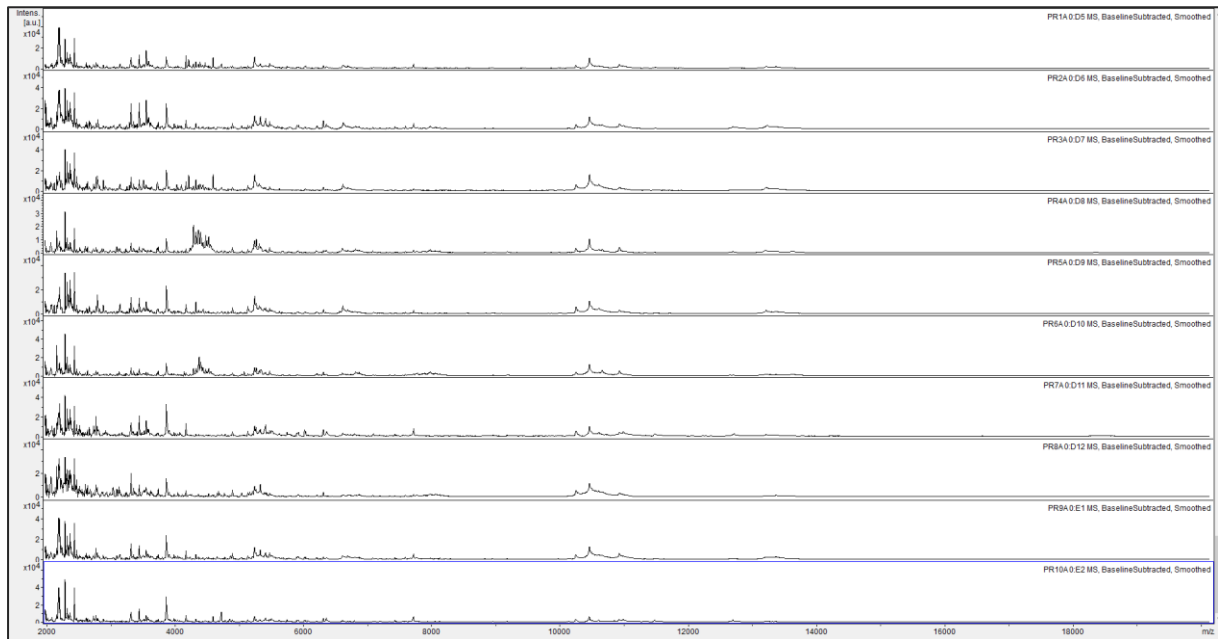


Figure S8 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from PR = *Pentatoma rufipes* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Figure S9

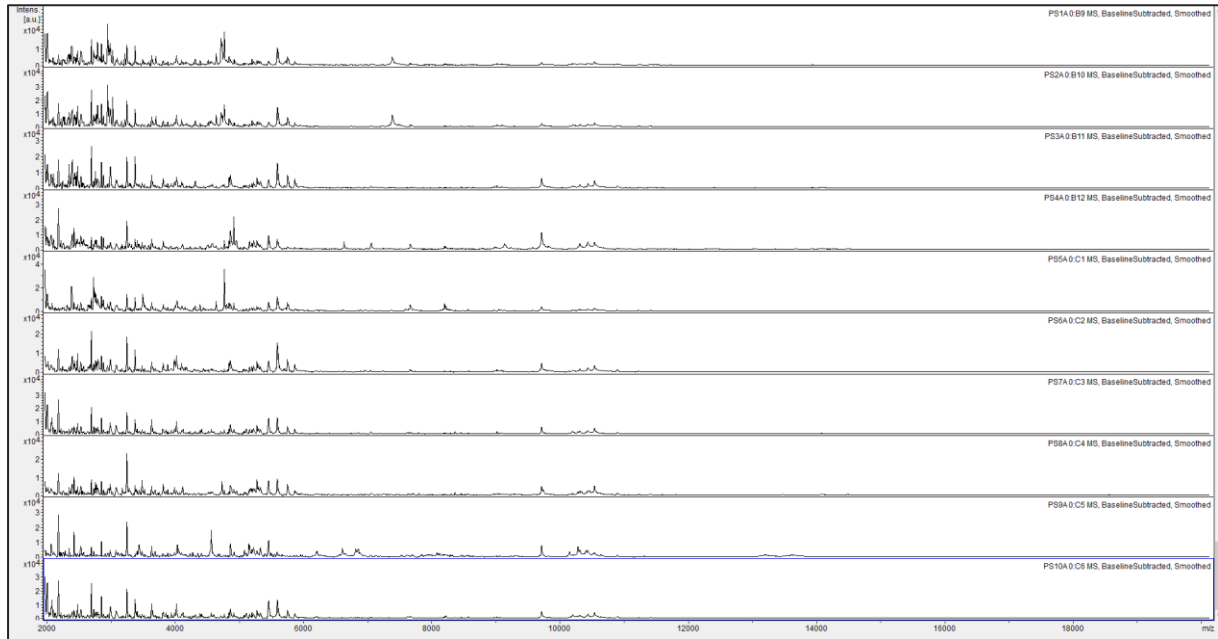


Figure S9 MALDI-TOF MS spectra of acid-soluble egg proteins from PS = *Peribalus strictus* with, from top to bottom, replicates 1 to 10. Spectra are shown baseline-subtracted, smoothed, with y-axis autoscaling, and covering the mass range 2 kDa to 20 kDa (with x-axis scale increments of 2 kDa).

Table S1 Bruker scores for comparisons between reference spectra (rows) and blind-test spectra (columns) subsequently identified as *Capocoris fuscispinus*, *Dolycoris baccarum*, and *Graphosoma italicum*.

	CF	CF	CF	CF	CF	CF	CF	CF	CF	CF	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB	DB
--	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----

GI6A	0.423	0.913	0.000	0.110	0.331	0.463	0.403	0.000	0.019	0.299	0.067	0.874	0.269	0.114	0.138	0.534	0.267	0.903	1.054	0.379	1.333	1.195	1.180	2.065	1.913	2.075	2.680	1.995	1.672	1.556	
GI7A	0.507	0.000	0.114	0.577	0.080	0.051	0.000	0.000	0.000	0.505	0.020	0.398	0.518	0.223	0.254	0.000	0.662	1.018	0.000	0.306	2.621	1.600	1.574	1.537	2.024	1.611	1.693	1.825	2.046	2.016	
GI8A	0.054	0.326	0.416	0.244	0.191	0.285	0.143	0.000	0.721	0.454	0.000	0.000	0.000	0.000	0.061	0.241	0.208	0.679	0.202	0.166	2.198	1.636	1.687	1.622	1.951	1.579	1.718	1.598	2.142	2.458	
GI9A	0.593	0.638	0.535	0.655	0.306	0.000	0.439	0.184	0.426	0.626	0.000	0.389	0.214	0.635	0.000	0.092	0.430	0.953	0.000	0.000	2.135	1.753	1.461	1.912	2.013	1.440	1.739	1.547	2.506	2.116	
HH10A	0.295	0.690	0.207	0.000	0.452	0.194	0.303	0.034	0.399	0.289	0.209	0.083	0.000	0.379	0.474	0.000	0.029	0.038	0.000	0.455	0.000	0.391	0.241	0.125	0.535	0.192	0.074	0.000	0.000	0.000	
HH1A	0.303	0.826	0.279	0.000	0.506	0.000	0.432	0.373	0.561	0.259	0.270	0.209	0.134	0.835	0.024	0.000	0.169	0.219	0.567	0.000	0.000	0.344	0.640	0.000	0.451	0.000	0.281	0.667	0.414	0.271	
HH2A	0.009	0.701	0.715	0.000	0.520	0.111	0.546	0.705	0.618	0.541	0.006	0.000	0.000	0.106	0.487	0.000	0.147	0.000	0.162	0.473	0.252	0.000	0.693	0.453	0.231	0.183	0.091	0.302	0.353	0.000	
HH3A	0.608	0.438	0.427	0.228	0.744	0.119	0.437	0.378	0.802	0.604	0.409	0.000	0.000	0.222	0.493	0.000	0.000	0.000	0.215	0.520	0.000	0.510	0.223	0.315	0.443	0.304	0.050	0.634	0.271	0.000	
HH4A	0.245	0.862	0.090	0.315	0.079	0.100	0.400	0.535	0.788	0.698	0.176	0.230	0.000	0.000	0.554	0.000	0.320	0.214	0.000	0.716	0.113	0.213	0.124	0.163	0.622	0.236	0.457	0.032	0.391	0.247	
HH5A	0.542	0.897	0.198	0.000	0.415	0.000	0.688	0.371	0.512	0.458	0.038	0.000	0.000	0.326	0.000	0.000	0.000	0.000	0.193	0.000	0.222	0.000	0.384	0.463	0.241	0.220	0.799	0.000	0.294	0.012	
HH6A	0.433	0.867	0.245	0.126	0.636	0.124	0.265	0.355	0.559	0.254	0.000	0.000	0.215	0.155	0.028	0.000	0.047	0.000	0.439	0.358	0.000	0.256	0.392	0.242	0.454	0.121	0.613	0.724	0.509	0.508	
HH7A	0.306	0.592	0.158	0.030	0.424	0.000	0.087	0.038	0.674	0.260	0.000	0.000	0.000	0.266	0.255	0.335	0.357	0.000	0.430	0.346	0.000	0.709	0.111	0.376	0.429	0.216	0.276	0.257	0.653	0.000	
HH8A	0.116	0.902	0.000	0.135	0.000	0.582	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.049	0.782	0.334	0.000	0.000	0.696	0.000	0.531	0.000
HH9A	0.298	0.965	0.110	0.000	0.223	0.000	0.000	0.207	0.691	0.461	0.547	0.296	0.514	0.000	0.198	0.000	0.587	0.627	0.009	0.627	0.008	0.232	0.841	0.000	0.671	0.657	0.219	0.000	0.042	0.000	
NV10A	0.000	0.532	0.189	0.615	0.511	0.275	0.712	0.485	0.157	0.674	0.322	0.591	0.000	0.000	0.058	0.000	0.501	0.000	0.752	0.540	0.000	0.095	0.000	0.000	0.142	0.112	0.056	0.294	0.000	0.102	
NV1A	0.796	0.000	0.452	0.343	0.413	0.431	0.000	0.000	0.000	0.698	1.016	0.752	0.579	0.207	0.599	0.628	0.000	0.971	0.292	0.360	0.000	0.803	0.000	0.010	0.613	0.000	0.153	0.220	0.705	0.000	
NV2A	0.000	0.000	0.000	0.141	0.000	0.000	0.000	0.104	0.711	0.101	0.324	0.927	0.044	0.892	0.359	0.153	0.000	0.408	0.778	0.185	0.075	0.241	0.441	0.000	0.121	0.000	0.000	0.195	0.243	0.282	
NV3A	0.000	0.439	0.213	0.263	0.288	0.463	0.596	0.280	0.453	0.436	0.374	0.773	0.615	0.464	0.228	0.346	0.720	0.385	0.805	0.728	0.179	0.189	0.000	0.013	0.310	0.293	0.039	0.250	0.225	0.659	
NV4A	0.087	0.842	0.522	0.411	0.007	0.373	0.784	0.000	0.715	0.731	0.465	0.910	0.616	0.515	0.000	0.560	0.810	0.470	0.990	1.119	0.000	0.299	0.000	0.231	0.215	0.393	0.653	0.374	0.000	0.509	
NV5A	0.199	0.764	0.448	0.569	0.000	0.853	0.947	0.494	0.805	0.610	0.000	0.964	0.000	0.093	0.404	0.525	0.000	0.617	0.985	0.956	0.000	0.048	0.078	0.000	0.000	0.418	0.000	0.286	0.169	0.369	
NV6A	0.000	1.095	0.600	0.366	0.000	0.479	0.541	0.239	0.060	0.668	0.671	0.628	0.000	0.337	0.000	0.000	0.168	0.584	0.172	0.000	0.150	0.103	0.000	0.000	0.197	0.000	0.000	0.215	0.051	0.000	
NV7A	0.081	0.277	0.000	0.000	0.000	0.070	0.000	0.000	0.355	0.288	0.000	1.167	0.424	0.130	0.034	0.225	0.085	0.342	0.857	0.506	0.000	0.273	0.084	0.395	0.421	0.000	0.000	0.384	0.000	0.404	
NV8A	0.000	0.804	0.000	0.000	0.313	0.151	0.641	0.263	0.521	0.093	0.621	0.824	0.000	0.461	0.000	0.051	0.000	0.000	0.418	0.416	0.250	0.000	0.538	0.000	0.100	0.039	0.138	0.208	0.258	0.041	
NV9A	0.000	0.621	0.295	0.000	0.324	0.001	0.374	0.000	0.133	0.253	0.432	0.794	0.000	0.260	0.545	0.000	0.006	0.561	1.118	0.284	0.205	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.121	0.668	0.000	0.218
PL10A	0.065	0.233	0.032	0.000	0.597	0.000	0.629	0.044	0.685	0.171	0.372	0.472	0.067	0.511	0.678	0.283	0.411	0.533	0.383	0.146	0.000	0.000	0.548	0.000	0.116	0.000	0.014	0.314	0.000	0.000	
PL1A	0.000	0.619	0.000	0.000	0.000	0.527	0.145	0.537	0.646	0.054	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.220	0.000	0.000	0.000	0.000	0.783	0.000	0.000	0.211	0.000	0.820	0.821	0.000	0.042	
PL2A	0.000	0.518	0.000	0.000	0.728	0.000	0.048	0.000	0.000	0.000	0.233	0.004	0.000	0.272	0.240	0.403	0.493	0.178	0.000	0.219	0.794	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.000	
PL3A	0.059	0.232	0.461	0.061	0.877	0.031	0.453	0.195	0.445	0.278	0.274	0.145	0.000	0.734	0.816	0.429	0.385	0.298	0.478	0.026	0.367	0.085	0.111	0.000	0.102	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	
PL4A	0.553	0.306	0.000	0.499	0.727	0.000	0.262	0.000	0.079	0.760	0.000	0.000	0.052	0.621	0.000	0.330	0.421	0.000	0.562	0.000	0.000	0.132	0.329	0.009	0.638	0.000	0.000	0.295	0.184	0.165	
PL5A	0.000	0.145	0.000	0.000	0.923	0.000	0.000	0.496	0.246	0.171	0.030	0.244	0.154	0.000	0.000	0.000	0.280	0.488	0.000	0.000	0.000	0.492	0.148	0.000	0.085	0.000	0.000	0.000	0.120	0.000	
PL6A	0.443	0.396	0.144	0.191	0.910	0.097	0.000	0.395	0.000	0.331	0.628	0.000	0.000	0.228	0.000	0.527	0.103	0.574	0.056	0.282	0.000	0.287	0.000	0.000	0.363	0.000	0.304	0.000	0.000	0.103	
PL7A	0.047	0.107	0.263	0.000	0.689	0.000	0.359	0.196	0.293	0.205	0.130	0.342	0.000	0.260	0.272	0.433	0.484	0.381	0.167	0.647	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	
PL8A	0.507	0.357	0.000	0.785	0.671	0.647	1.056	0.492	0.843	0.291	0.093	0.000	0.000	0.546	0.000	0.000	0.408	0.000	0.712	0.586	0.142	0.000	0.086	0.000	0.447	0.042	0.000	0.000	0.065	0.000	0.019
PL9A	0.158	0.291	0.000	0.271	0.382	0.000	0.636	0.338	0.206	0.450	0.348	0.107	0.000	0.513	0.318	0.209	0.419	0.376	0.295	0.310	0.066	0.000	0.000	0.291	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
PP1A	0.320	0.334	0.828	0.410	0.516	0.000	0.624	0.663	0.370	0.607	0.027	0.389	0.000	0.622	0.720	0.000	0.201	0.517	0.737	0.859	0.536	0.433	0.204	0.350	0.822	0.260	0.350	0.659	0.220	0.000	
PP2A	0.432	0.535	0.374	0.237	0.639	0.085	0.000	0.079	0.000	0.131	0.518	0.000	0.000	0.429	0.000	0.000	0.327	0.561	0.367	0.405	0.000	0.123	0.000	0.396	0.000	0.729	0.000	0.000	0.000	0.141	
PP3A	0.474	0.835	0.442	0.000	0.089	0.138	0.000	0.000	0.099	0.000	0.768	0.695	0.245	0.320	0.221	0.000	0.000	0.194	0.307	0.462	0.000	0.816	0.230	0.247	0.351	0.630	0.163	0.000	0.267	0.226	
PP4A	0.413	0.606	0.100	0.097	0.181	0.176	0.000	0.000	0.703	0.000	0.900	0.053	0.000	0.000	0.513	0.043	0.301	0.000	0.734	0.089	0.000	0.331	0.000	0.206	0.000	0.000	0.177	0.510	0.000	0.000	
PP5A	0.000	0.462	0.000	0.073	0.000	0.000	0.163	0.000	0.000	0.005	1.058	0.560	0.000	0.642	0.100	0.365	0.548	0.095	0.291	0.429	0.049	0.032	0.000	0.016	0.139	0.000	0.000	0.000	0.124	0.000	
PP6A	0.585	0.206	0.000	0.290	0.071	0.399	0.000	0.000	0.000	0.000	0.																				

DB6A	0.361	0.000	0.361	0.510	0.000	0.274	0.689	0.263	0.000	0.000	0.607	0.000	0.000	0.000	0.015	0.000	0.000	0.317	0.000	0.157	0.000	0.000	0.671	0.450	0.000	0.112	0.216	0.298	0.584	0.000	
DB7A	0.377	0.409	0.557	0.356	1.075	0.560	0.433	0.188	0.000	0.414	0.000	0.527	0.905	0.532	0.000	0.000	0.863	0.000	0.000	0.683	0.000	0.372	0.591	0.532	0.000	0.618	0.733	0.593	0.257	0.719	
DB8A	1.251	0.706	0.750	0.992	0.797	0.705	0.774	1.041	0.284	0.000	0.000	0.525	0.298	0.560	0.000	0.000	0.000	0.728	0.223	0.339	0.000	1.015	0.356	0.552	0.633	0.033	0.638	0.458	0.339	0.568	
DB9A	0.125	0.000	0.419	0.193	0.698	0.329	0.191	0.178	0.000	0.000	0.377	0.231	0.000	0.000	0.081	0.231	0.073	0.118	0.000	0.559	0.000	0.332	0.375	0.226	0.000	0.118	0.292	0.209	0.000	0.000	
GI10A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.225	0.000	0.176	0.245	0.000	0.228	0.419	0.274	0.000	0.113	0.298	0.455	0.000	0.000	0.570	0.138	0.000	0.000	0.054	0.168	0.246	0.024	0.070	0.000	0.371	
GI1A	0.118	0.230	0.956	0.000	0.335	0.130	0.506	0.000	0.000	0.000	0.000	0.795	0.000	0.000	0.621	0.508	0.000	0.000	0.091	0.259	0.000	0.000	0.449	0.000	0.000	0.000	0.114	0.000	0.000	0.000	
GI2A	0.000	0.000	0.000	0.159	0.131	0.000	0.061	0.377	0.000	0.452	0.044	0.571	0.000	0.393	0.000	0.186	0.098	0.198	0.106	0.362	0.082	0.464	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	0.280	0.000	0.000	
GI3A	0.728	0.303	0.457	0.000	0.001	0.286	0.419	0.030	0.000	0.305	0.342	0.423	0.240	0.000	0.036	0.730	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.075	0.000	0.000	0.453	0.461	0.143	0.000	0.000	0.057	
GI4A	0.278	0.269	0.743	0.177	0.000	0.000	0.414	0.173	0.087	0.270	0.000	0.488	0.000	0.000	0.162	0.654	0.248	0.000	0.000	0.701	0.652	0.105	0.388	0.000	0.000	0.224	0.073	0.000	0.000	0.000	
GI5A	0.000	0.310	0.495	0.241	0.070	0.000	0.022	0.207	0.000	0.000	0.000	0.390	0.000	0.000	0.326	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.252	0.303	0.000	0.000	0.142	0.081	0.000	0.000	0.005		
GI6A	0.171	0.000	0.470	0.000	0.124	0.449	0.431	0.000	0.000	0.162	0.000	0.741	0.000	0.000	0.000	0.000	0.135	0.000	0.000	0.367	0.077	0.372	0.000	0.000	0.000	0.000	0.129	0.000	0.000	0.000	
GI7A	0.112	0.501	0.000	0.230	0.000	0.204	0.000	0.000	0.000	0.273	0.276	0.000	0.191	0.000	0.373	0.120	0.000	0.502	0.000	0.000	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.106	0.198	0.000	0.000	0.106	
GI8A	0.017	0.000	0.259	0.055	0.212	0.000	0.000	0.127	0.000	0.000	0.059	0.319	0.000	0.339	0.000	0.166	0.000	0.000	0.000	0.309	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	0.187	0.000	0.000	0.000	0.000	
GI9A	0.403	0.056	0.436	0.000	0.185	0.536	0.153	0.000	0.000	0.521	0.445	0.000	0.000	0.000	0.000	0.266	0.000	0.028	0.000	0.000	0.377	0.034	0.000	0.448	0.000	0.451	0.421	0.000	0.000	0.000	
HH10A	2.035	2.198	1.982	2.110	2.392	2.054	2.211	2.187	1.996	1.948	0.000	0.003	0.000	0.011	0.188	0.316	0.812	0.000	0.000	0.000	0.989	0.589	0.359	1.059	0.662	0.941	0.469	1.256	0.000	1.169	
HH1A	1.125	2.351	2.585	2.286	2.049	2.066	2.290	2.338	2.175	1.989	0.000	0.000	0.000	0.000	0.244	0.072	0.251	0.000	0.022	0.970	0.680	0.499	1.156	0.869	1.091	0.300	1.246	0.000	0.771		
HH2A	2.198	2.420	2.246	2.603	2.154	2.296	2.365	2.439	2.210	2.236	0.000	0.305	0.000	0.182	0.365	0.000	0.368	0.000	0.207	0.166	1.119	1.137	0.813	1.135	1.151	1.051	0.892	1.402	0.613	1.186	
HH3A	2.219	2.319	2.236	2.268	2.334	2.253	2.619	2.279	2.263	1.957	0.000	0.051	0.000	0.016	0.016	0.000	0.000	0.035	0.000	0.227	0.034	1.027	1.018	0.535	1.211	1.063	1.209	1.027	1.365	0.314	1.189
HH4A	2.258	2.401	2.152	2.427	2.324	2.257	2.281	2.650	2.284	2.051	0.000	0.000	0.000	0.000	0.298	0.344	0.436	0.000	0.166	0.190	0.920	0.777	0.518	1.055	0.812	1.157	0.627	1.247	0.756	0.966	
HH5A	2.155	2.433	2.230	2.435	2.203	2.574	2.289	2.376	2.074	2.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.473	0.000	0.000	0.059	1.002	0.968	0.657	0.917	1.020	1.248	0.886	1.369	0.031	1.122	
HH6A	2.511	2.270	2.183	2.343	2.007	2.075	2.241	2.317	2.397	2.327	0.000	0.239	0.000	0.000	0.000	0.273	0.169	0.000	0.000	0.228	1.149	1.153	0.674	1.387	1.021	1.254	0.525	1.268	0.169	1.489	
HH7A	2.112	2.150	2.096	2.281	1.906	2.155	2.095	2.178	2.285	2.783	0.000	0.872	0.160	0.000	0.000	0.000	0.204	0.000	0.000	0.000	1.358	1.417	1.018	1.439	1.251	1.409	0.871	1.371	1.121	1.360	
HH8A	2.104	2.117	1.951	2.048	1.774	1.890	2.105	2.231	2.607	2.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.194	0.000	0.000	0.373	0.000	1.068	0.570	0.359	0.910	0.798	0.884	0.285	0.929	0.672	0.726	
HH9A	2.637	2.677	2.143	2.401	2.110	2.200	2.215	2.413	2.129	2.119	0.000	0.000	0.000	0.196	0.000	0.184	0.378	0.000	0.000	0.000	1.106	0.951	0.333	1.110	0.919	1.351	0.960	1.285	0.180	1.259	
NV10A	0.365	0.549	0.095	0.619	0.430	0.000	0.138	0.000	0.000	0.000	0.000	0.097	0.061	1.681	2.311	2.207	2.155	1.963	2.201	2.354	2.227	0.399	0.317	0.683	0.887	0.000	0.819	0.693	0.664	0.000	0.017
NV1A	0.964	0.542	0.486	0.424	0.276	0.059	0.465	0.413	0.324	0.000	2.107	1.953	2.323	2.359	2.156	1.852	1.735	2.194	2.352	1.853	0.000	0.457	0.871	0.495	0.028	0.000	0.506	0.275	0.374	0.202	
NV2A	0.386	0.000	0.000	0.364	0.000	0.119	0.249	0.000	0.000	0.000	0.1792	2.378	1.879	2.392	2.419	2.166	2.119	1.693	1.960	2.232	0.276	0.292	0.309	0.423	0.588	0.523	0.709	0.465	0.177	0.436	
NV3A	0.000	0.003	0.000	0.418	0.836	0.865	0.600	0.201	0.000	0.000	2.007	2.222	1.696	2.150	2.490	2.279	2.620	1.677	1.844	2.405	0.047	0.511	0.682	0.375	0.273	0.675	0.737	0.406	0.012	0.136	
NV4A	0.000	0.000	0.000	0.377	0.871	0.052	0.358	0.071	0.000	0.283	1.940	2.051	1.721	2.207	2.179	2.077	2.329	2.056	2.008	2.613	0.000	0.055	0.319	0.561	0.000	0.874	0.808	0.383	0.602	0.296	
NV5A	0.265	0.000	0.000	0.321	0.317	0.219	0.066	0.000	0.041	0.000	0.216	2.219	2.040	2.267	2.423	2.194	2.085	1.945	2.075	2.227	0.000	0.353	0.615	0.268	0.000	0.439	0.662	0.480	0.565	0.000	
NV6A	0.000	0.000	0.276	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.235	2.288	1.872	2.144	2.145	2.139	2.201	1.972	2.069	2.168	2.137	0.000	0.375	0.445	0.696	0.000	0.741	0.660	0.556	0.372	0.396		
NV7A	0.321	0.010	0.000	0.080	0.753	0.392	0.693	0.039	0.000	0.000	2.114	1.957	2.206	2.242	2.439	2.236	2.147	1.905	2.277	2.081	0.000	0.577	0.411	0.494	0.120	0.280	0.399	0.248	0.122	0.188	
NV8A	0.000	0.000	0.000	0.144	0.000	0.168	0.164	0.000	0.000	0.000	2.169	2.057	2.056	2.177	2.434	2.574	2.182	1.806	2.159	2.310	0.000	0.000	0.425	0.426	0.000	0.363	0.490	0.000	0.000	0.468	
NV9A	0.588	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.164	0.083	0.089	0.000	1.895	1.828	1.461	2.061	2.056	2.117	1.917	1.921	2.244	1.971	0.000	0.175	0.841	0.779	0.000	0.866	0.507	0.805	0.360	0.000	
PL10A	1.199	1.021	0.981	1.005	0.829	0.980	0.592	0.724	0.463	1.041	0.000	0.170	0.000	0.197	0.217	0.690	0.484	0.358	0.260	0.183	2.151	2.731	2.126	2.256	1.985	2.233	1.984	2.241	2.292	2.277	
PL1A	1.704	1.096	1.368	1.340	1.113	1.150	1.206	1.145	1.309	1.111	0.497	0.000	0.975	0.000	0.520	0.329	0.258	0.725	0.000	0.155	2.143	2.013	1.869	1.881	1.751	1.713	1.184	1.643	2.009	2.133	
PL2A	1.126	0.939	0.635	1.071	1.065	1.133	0.740	1.114	0.590	1.071	0.334	0.149	0.383	0.260	0.419	0.268	0.597	0.577	0.348	0.000	0.128	2.190	2.336	2.262	1.885	1.968	2.388	2.628	2.607		
PL3A	1.261	0.991	0.602	1.145	0.836	1.095	0.723	0.785	0.469	1.014	0.289	0.684	0.497	0.357	0.505	0.291	0.683	0.588	0.296	0.097	2.245	2.213	2.281	2.412	2.260	2.239	2.003	2.601	2.077	2.494	
PL4A	1.006	0.731	0.498	0.927	0.870	0.878	0.846	0.778	0.605	1.280	0.483	0.391	0.518	0.535	0.431	0.496	0.444	0.564	0.000	0.506	2.092	2.252	2.107	2.129	2.215	2.537	2.117	2.246	2.199	2.228	
PL5A	1.101	0.862	0.407	1.189	0.927	1.245	1.142	1.019	0.884	1.043	0.053	0.000	0.458	0.000	0.237																

CF7A	0.293	0.000	0.719	0.232	0.166	0.185	0.706	0.704	0.000	0.000	0.156	0.000	0.000	0.000	0.293	0.493	0.597	0.456	0.537	0.961	0.881	0.366	0.637	0.804	0.000	1.155	0.293	0.000	0.719	
CF8A	0.000	0.156	0.489	0.000	0.279	0.000	0.435	0.673	0.766	0.580	0.000	0.808	1.122	0.738	0.092	0.553	0.748	0.474	0.272	0.000	0.387	0.000	0.008	0.000	0.366	0.000	0.532	0.000	0.156	0.489
CF9A	0.633	0.000	0.280	0.403	0.342	0.462	0.481	0.301	0.626	0.850	0.464	0.000	0.948	0.556	0.533	0.502	0.192	0.801	0.773	0.160	0.242	0.838	0.184	0.602	1.138	0.000	0.736	0.633	0.000	0.280
DB10A	0.617	0.208	0.384	0.860	0.629	0.428	0.201	0.228	0.477	0.397	0.077	0.592	0.408	0.335	0.957	0.716	0.791	0.363	0.779	0.465	0.672	0.344	0.836	0.208	0.775	0.644	0.697	0.617	0.208	0.384
DB1A	0.784	0.000	0.663	0.468	0.290	0.001	0.535	0.288	0.196	0.000	0.320	0.636	0.153	0.000	0.089	0.171	0.062	0.403	0.333	0.231	0.384	0.176	0.368	0.008	0.318	0.000	0.801	0.784	0.000	0.663
DB2A	0.444	0.920	0.577	0.535	0.505	0.569	0.490	0.461	0.000	0.264	0.222	0.228	0.382	0.185	0.418	0.265	0.707	0.347	1.140	0.974	0.599	0.460	0.391	0.000	0.932	0.451	0.267	0.444	0.920	0.577
DB3A	0.883	0.000	0.537	0.018	0.437	0.828	0.118	0.476	0.839	0.095	0.088	0.577	0.149	0.800	0.943	0.369	0.742	0.224	1.011	0.723	0.814	0.491	0.421	0.531	0.980	0.027	0.650	0.883	0.000	0.537
DB4A	0.031	0.253	0.000	0.323	0.000	0.000	0.000	0.574	0.725	0.112	0.341	0.862	0.283	1.071	0.377	0.459	0.014	0.712	0.530	0.060	0.549	0.867	0.527	0.000	0.000	0.000	0.531	0.031	0.253	0.000
DB5A	0.000	0.002	0.524	0.191	0.134	0.321	0.000	0.752	0.617	0.271	0.000	0.408	0.023	0.691	0.953	0.364	0.929	0.397	1.087	0.405	0.590	0.257	0.777	0.572	0.802	0.533	0.440	0.000	0.002	0.524
DB6A	0.194	0.239	0.174	0.508	0.209	0.302	0.000	0.658	0.520	0.000	0.563	0.640	0.774	0.237	0.182	0.087	0.637	0.400	0.588	0.000	0.677	0.270	0.509	0.572	0.436	0.027	0.048	0.194	0.239	0.174
DB7A	0.006	0.011	0.024	0.380	0.382	0.000	0.000	0.635	0.748	0.383	0.000	1.078	0.664	1.070	0.190	0.427	0.663	0.000	0.041	0.000	0.053	0.000	0.153	0.000	0.188	0.000	0.362	0.006	0.011	0.024
DB8A	0.000	0.000	0.081	0.186	0.167	0.365	0.000	0.029	0.334	0.277	0.136	0.548	0.627	0.618	0.511	0.143	0.429	0.612	0.718	0.403	0.309	0.224	0.245	0.758	0.000	0.000	0.764	0.000	0.000	0.081
DB9A	0.303	0.000	0.000	0.067	0.791	0.000	0.000	0.274	0.401	0.228	0.260	0.362	0.300	0.000	0.537	0.000	0.229	0.074	0.322	0.000	0.445	0.009	0.543	0.739	0.481	0.185	0.186	0.303	0.000	0.000
GI10A	0.013	0.425	0.000	0.000	0.517	0.000	0.000	0.080	0.110	0.000	0.427	0.672	0.287	0.950	0.000	0.661	0.801	0.262	0.000	0.018	0.000	0.000	0.000	0.122	0.000	0.000	0.407	0.013	0.425	0.000
GI1A	0.133	0.000	0.445	0.084	0.620	0.123	0.000	0.293	0.542	0.387	0.733	0.000	0.399	0.271	0.730	0.401	0.597	0.242	0.000	0.000	0.282	0.672	0.503	0.000	0.389	0.238	0.410	0.133	0.000	0.445
GI2A	0.603	0.447	0.345	0.000	0.727	0.000	0.000	0.000	0.000	0.123	0.050	0.000	0.217	0.302	0.006	0.203	0.536	0.455	0.354	0.615	0.421	0.231	0.990	0.000	0.765	0.498	0.164	0.603	0.447	0.345
GI3A	0.195	0.510	0.070	0.000	0.361	0.435	0.000	0.651	0.160	0.000	0.000	0.185	0.412	0.500	0.396	0.690	0.632	0.000	0.000	0.328	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.606	0.195	0.510	0.070	
GI4A	0.870	0.506	0.239	0.406	0.737	0.116	0.326	0.704	0.396	0.908	0.486	0.000	0.379	0.303	0.112	0.527	0.786	0.228	0.000	0.000	0.388	0.230	0.717	0.000	0.290	0.900	0.976	0.870	0.506	0.239
GI5A	0.000	0.386	0.067	0.290	0.508	0.443	0.000	0.288	0.000	0.271	0.336	0.000	0.324	0.270	0.079	0.294	0.492	0.177	0.000	0.621	0.000	0.196	0.000	0.000	0.000	0.272	0.464	0.000	0.386	0.067
GI6A	0.243	0.077	0.434	0.000	0.508	0.000	0.000	0.491	0.000	0.172	0.310	0.089	0.000	0.576	0.000	0.255	0.298	0.420	0.000	0.114	0.009	0.366	0.553	0.000	0.216	0.000	0.471	0.243	0.077	0.434
GI7A	0.167	0.479	0.000	0.544	0.275	0.000	0.033	0.000	0.244	0.398	0.043	0.001	0.244	0.246	0.243	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.210	0.000	0.000	0.211	0.188	0.000	0.000	0.167	0.479	0.000
GI8A	0.000	0.403	0.000	0.000	0.470	0.163	0.000	0.022	0.365	0.268	0.366	0.000	0.000	0.270	0.000	0.599	0.045	0.218	0.030	0.022	0.084	0.535	0.000	0.479	0.000	0.000	0.000	0.000	0.403	0.000
GI9A	0.385	0.146	0.075	0.259	0.469	0.000	0.000	0.089	0.705	0.351	0.479	0.000	0.611	0.525	0.293	0.053	0.589	0.313	0.000	0.000	0.870	0.058	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.385	0.146	0.075
HH10A	0.662	0.401	0.687	0.693	0.410	0.690	0.391	0.628	0.597	0.000	0.127	0.602	0.000	0.465	0.427	0.404	0.632	0.651	0.942	0.755	0.769	0.822	0.584	0.000	0.913	0.372	1.068	0.662	0.401	0.687
HH1A	0.261	0.351	0.206	0.702	0.000	0.812	0.000	0.000	0.359	0.000	0.176	0.086	0.414	0.492	0.523	0.947	0.329	0.208	0.321	0.763	0.327	0.670	0.657	0.129	0.417	0.504	0.000	0.261	0.351	0.206
HH2A	0.898	0.550	0.579	0.275	0.496	0.885	0.166	0.549	0.398	0.000	0.397	0.000	0.000	0.556	0.000	0.150	0.674	0.306	0.355	0.962	0.000	0.760	0.514	0.000	0.713	0.000	0.990	0.898	0.550	0.579
HH3A	0.944	0.453	0.471	0.652	0.601	0.737	0.415	0.030	0.331	0.697	0.000	0.276	0.000	0.118	0.162	0.494	0.294	0.692	0.300	0.240	0.325	0.763	0.090	0.000	0.517	0.345	0.518	0.944	0.453	0.471
HH4A	1.039	0.646	0.432	0.395	0.546	0.943	0.479	0.426	0.107	0.000	0.028	0.000	0.000	0.358	0.076	0.556	0.425	0.427	0.472	0.000	0.710	0.193	0.000	0.161	0.000	0.750	1.039	0.646	0.432	
HH5A	0.684	0.232	0.170	0.239	0.384	0.608	0.191	0.444	0.487	0.000	0.560	0.000	0.362	0.827	0.452	0.354	0.250	0.076	0.209	0.614	0.056	0.604	0.524	0.000	0.501	0.330	0.781	0.684	0.232	0.170
HH6A	0.945	0.304	0.284	0.388	0.831	0.731	0.153	0.000	0.000	0.000	0.115	0.428	0.339	0.179	0.551	0.100	0.415	0.296	0.843	0.688	0.218	0.546	0.198	0.000	0.422	0.694	1.056	0.945	0.304	0.284
HH7A	1.065	0.470	0.591	0.221	0.761	1.002	0.470	0.000	0.074	0.281	0.528	0.114	0.111	0.295	0.248	0.174	0.267	0.359	0.018	0.544	0.000	0.640	0.445	0.012	0.033	0.454	0.692	1.065	0.470	0.591
HH8A	0.613	0.158	0.000	0.295	0.397	0.763	0.644	0.000	0.443	0.000	0.280	0.313	0.297	0.112	0.076	0.181	0.000	0.211	0.459	0.000	0.000	0.335	0.000	0.003	0.103	0.718	0.989	0.613	0.158	0.000
HH9A	0.944	0.285	0.398	0.608	0.730	0.767	0.745	0.000	0.352	0.000	0.211	0.352	0.000	0.156	0.011	0.156	0.850	0.547	0.188	0.378	0.354	0.856	0.667	0.000	0.533	0.514	0.791	0.944	0.285	0.398
NV10A	0.000	0.303	0.000	0.089	0.000	0.113	0.281	0.362	0.403	0.864	0.106	0.509	0.722	0.691	0.801	0.419	0.969	0.176	0.194	0.489	0.677	0.511	0.016	0.117	0.587	0.519	0.694	0.000	0.303	0.000
NV1A	0.000	0.000	0.000	0.669	0.000	0.534	0.001	0.000	0.213	0.000	0.000	0.000	0.000	0.176	0.000	0.000	0.526	0.681	0.047	0.464	0.712	0.867	0.009	0.402	0.674	0.549	0.163	0.000	0.000	0.000
NV2A	0.000	0.092	0.518	0.123	0.000	0.362	0.386	0.000	0.665	0.235	0.000	0.177	0.396	0.327	0.451	0.094	0.522	0.389	0.000	0.496	0.307	0.000	0.000	0.615	0.538	0.401	0.156	0.000	0.092	0.518
NV3A	0.456	0.000	0.524	0.632	0.000	0.000	0.319	0.216	0.568	0.866	0.505	0.681	0.695	0.761	0.696	0.362	0.795	0.034	0.816	0.910	0.770	0.728	0.706	0.772	0.107	0.826	0.968	0.456	0.000	0.524
NV4A	0.000	0.506	0.045	0.259	0.291	0.016	0.000	0.399	0.084	0.975	0.203	0.880	0.458	0.778	0.725	0.789	0.944	0.338	0.082	0.725	0.000	0.337	0.365	0.204	0.516	0.581	0.768	0.000	0.506	0.045
NV5A	0.436	0.000	0.397	0.404	0.329	0.191	0.732	0.201	0.000	0.301	0.206	0.427	0.000	0.306	0.000	0.520	0.661	0.063	0.000	0.505	0.557	0.259	0.413	0.279	0.755	0.540	0.669	0.436	0.000	0.397
NV6A	0.333	0.266	0.267	0.000	0.000	0.085	0.000	0.647	0.322	0.509	0.408	0.063	0.689	0.009	0.005	0.000	0													

Table S4 Average Bruker scores for all 81 pairwise species comparisons.

		Test spectra								
		CF	DB	GI	HH	NV	PL	PP	PR	PS
Reference spectra	CF	1.552	0.419	0.385	0.371	0.218	0.335	0.340	0.364	0.471
	DB	0.378	1.569	0.326	0.409	0.372	0.290	0.273	0.413	0.412
	GI	0.274	0.380	1.847	0.165	0.160	0.088	0.230	0.294	0.188
	HH	0.350	0.167	0.271	2.233	0.093	0.929	0.531	0.252	0.419
	NV	0.318	0.418	0.169	0.182	2.109	0.366	0.179	0.359	0.397
	PL	0.277	0.240	0.100	0.909	0.359	2.239	0.334	0.432	0.309
	PP	0.250	0.302	0.187	0.364	0.151	0.427	2.022	0.321	0.335
	PR	0.206	0.302	0.302	0.233	0.238	0.205	0.287	2.104	0.149
	PS	0.474	0.388	0.258	0.399	0.351	0.287	0.397	0.283	2.145

CF = *Capocoris fuscispinus*, DB = *Dolycoris baccarum*, GI = *Graphosoma italicum*, HH = *Halyomorpha halys*, NV = *Nezara viridula*, PL =

Piezodorus lituratus, PP = *Palomena prasina*, PR = *Pentatoma rufipes*, and PS = *Peribalus strictus*.

Table S5 Standard errors of Bruker scores for all 81 pairwise species comparisons.

		Test spectra								
		CF	DB	GI	HH	NV	PL	PP	PR	PS
Reference spectra	CF	0.476	0.290	0.261	0.273	0.280	0.303	0.274	0.311	0.344
	DB	0.313	0.454	0.272	0.347	0.313	0.275	0.271	0.286	0.300
	GI	0.258	0.317	0.353	0.201	0.216	0.150	0.233	0.245	0.248
	HH	0.270	0.211	0.239	0.183	0.164	0.351	0.265	0.231	0.306
	NV	0.287	0.337	0.193	0.245	0.220	0.271	0.209	0.299	0.286
	PL	0.280	0.224	0.195	0.307	0.232	0.215	0.286	0.268	0.287
	PP	0.257	0.281	0.234	0.266	0.241	0.311	0.294	0.247	0.289
	PR	0.243	0.250	0.277	0.252	0.271	0.254	0.237	0.240	0.199
	PS	0.328	0.289	0.259	0.253	0.256	0.236	0.282	0.259	0.283

CF = *Capocoris fuscispinus*, DB = *Dolycoris baccarum*, GI = *Graphosoma italicum*, HH = *Halyomorpha halys*, NV = *Nezara viridula*, PL =

Piezodorus lituratus, PP = *Palomena prasina*, PR = *Pentatoma rufipes*, and PS = *Peribalus strictus*.

The data from Tables S4 and S5 are shown graphically in Figure 2.