

Table S1. Alignment report of *Apis mellifera carnica* (AMC) and *Apis mellifera mellifera* (AMM) COI gene.

Majority	-----GTTTCATCAATGAGACTTATTATTTCGAATAGAAATTAAGATCTCCAGGATCATGAATTAATAACGATCAAATTTATA										
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
	10	20	30	40	50	60	70	80			
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
AMC_1	-----ATCAATGAGACTTATTATTTCGAATAGAAATTAAGATCCCCAGGATCATGAATTAGCAATGATCAAATTTATA										71
AMC_2	ACTAGGATCATCAATGAGACTTATTATTTCGAATAGAAATTAAGATCCCCAGGATCATGAATTAACAATGATCAAATTTATA										80
AMM_1	---AGGTTTCATCAATGAGACTTATTATTTCGAATAGAAATTAAGATCTCCAGGATCATGAATTAATAACGATCAAATTTATA										77
AMM_2	----GTTTCATCAATGAGACTTATTATTTCGAATAGAAATTAAGATCTCCAGGATCATGAATTAATAACGATCAAATTTATA										75
AMM_3	-----TCATCAATGAGACTTATTATTTCGAATAGAAATTAAGATCTCCAGGATCATGAATTAATAACGATCAAATTTATA										73
Majority	ATACAATTGTTACTAGCCACGCATTTCTAATAATCTTTTTTATAGTTATAACCATTTCTAATTGGAGGATTTGGAAATTGG										
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
	90	100	110	120	130	140	150	160			
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
AMC_1	ATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCCTAATAATTTTTTTTATAGTTATAACCATTTTAAATTGGAGGATTTGGAAATTGG										151
AMC_2	ATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCCTAATAATTTTTTTTATAGTTATAACCATTTTAAATTGGAGGATTTGGAAATTGG										160
AMM_1	ATACAATTGTTACTAGCCACGCATTTCTAATAATCTTTTTTATAGTTATAACCATTTCTAATTGGAGGATTTGGAAATTGG										157
AMM_2	ATACAATTGTTACTAGCCACGCATTTCTAATAATCTTTTTTATAGTTATAACCATTTCTAATTGGAGGATTTGGAAATTGG										155
AMM_3	ATACAATTGTTACTAGCCACGCATTTCTAATAATCTTTTTTATAGTTATAACCATTTCTAATTGGAGGATTTGGAAATTGG										153
Majority	CTTATTCCTTTAATACTAGGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATGTTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTC										
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
	170	180	190	200	210	220	230	240			
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
AMC_1	CTTATTCCTTTAATACTAGGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATATTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTC										231
AMC_2	CTTATTCCTTTAATACTAGGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATATTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTC										240
AMM_1	CTTATTCCTTTAATACTAGGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATGTTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTC										237
AMM_2	CTTATTCCTTTAATACTAGGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATGTTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTC										235
AMM_3	CTTATTCCTTTAATACTAGGATCACCTGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATGTTAGATTTTGATTACTTCCTCCCTC										233
Majority	ATTATTAATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTACCCAAGACCAGGAAGTGGATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCAT										

	-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	250 260 270 280 290 300	
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
AMC_1	ATTATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAAGTGGATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCAT	311
AMC_2	ATTATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAAGTGGATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCAT	320
AMM_1	ATTATTAATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTACCCAAGACCAGGAAGTGGATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCAT	317
AMM_2	ATTATTAATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTACCCAAGACCAGGAAGTGGATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCAT	315
AMM_3	ATTATTAATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTACCCAAGACCAGGAAGTGGATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCAT	313

Majority	TTAAATTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAAATTTTTCTATAAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGT										
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
	410	420	430	440	450	460	470	480			
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+										
AMC_1	TTAAACTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAAATTTTTCTATAAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGT										471
AMC_2	TTAAACTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAAATTTTTCTATAAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGT										480
AMM_1	TTAAATTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAAATTTTTCTATAAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGT										477
AMM_2	TTAAATTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAAATTTTTCTATAAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGT										475
AMM_3	TTAAATTTAATAGTTACAATTATAATAATAAAAAATTTTTCTATAAAATTATGACCAAATTCATTATTTCCATGATCAGT										473

AMC_2	TTTTATTACAGCAATTTTATTAATTATATCATTACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATT	560
AMM_1	TTTTATTACAGCAATTTTATTAATTATATCATTACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATT	557
AMM_2	TTTTATTACAGCAATTTTATTAATTATATCATTACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATT	555
AMM_3	TTTTATTACAGCAATTTTATTAATTATATCATTACCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATT	553

Majority TTAATACATCATTTTTTTGATCCTATAGGAGGTGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTT-----

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
570 580 590 600 610 620 630 640
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

AMC_1	TTAATACATCATTTCTA---GCTTTATGATCTGGA-----ATACTAGGAT-----C-----	593
AMC_2	TTAATACATCATTTTTTCGATCCTATAGGAGGTGGAGATCCAATTTCTTTATCAACATTTATTTTGATTTTT-----	630
AMM_1	TTAATACATCATTTTTTTGATCCTATAGGAGGTGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTT-----	627
AMM_2	TTAATACATCATTTTTTTGATCCTATAGGAGGTGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTTTATATTATT	635
AMM_3	TTAATACATCATTTTTTTGATCCTATAGGAGGTGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTT-----	623

Majority -----CATCAATGAGACTTATTATTCTGAATAGAATTAAGATCC-CCAGGATCATGAA

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
650 660 670 680 690 700 710 720
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

AMC_1	-----ATCAATGAGACTTATTATTCTGAATAGAATTAAGATCC-CCAGGATCATGAA	643
AMC_2	-----CATCAATGAGACTTATTATTCTGAATAGAATTAAGATCC-CCAGGATCATGAA	681
AMM_1	-----TATCAATGAGACTTATTATTCTGAATAGAATTAAGATCC-CCAGGATCATGAA	678
AMM_2	CTAGCTTTATGATCTGGAATATTAGGTTTCAATGAGACTTATTATTCTGAATAGAATTAAGATCT-CCAGGATCATGAA	714
AMM_3	-----TGGAGCTAGTTTATTATTATATCATTAAACGAGGTCGATTATGTCCATTAC	673

Majority TTAACAATGATCAAATTTATAATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCTAATAATTTTTTTTATAGTTATACCATTTTAA

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
730 740 750 760 770 780 790 800
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

AMC_1	TTAGCAATGATCAAATTTATAATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCTAATAATTTTTTTTATAGTTATACCATTTTAA	723
AMC_2	TTAACAATGATCAAATTTATAATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCTAATAATTTTTTTTATAGTTATACCATTTTAA	761
AMM_1	TTAGCAATGATCAAATTTATAATACAATTGTTACTAGTCATGCATTCCTAATAATTTTTTTTATAGTTATACCATTTTAA	758
AMM_2	TTAATAACGATCAAATTTATAATACAATTGTTACTAGCCACGCATTTCTAATAATCTTTTTTATAGTTATACCATTCTA	794
AMM_3	T--ATATTAATTA--TTT-TAACGACATTATTTTTGACTA-GTACCTTTATTACTTTAAACCAGTATTAAAT-ATCTTT-	745

Majority ATTGGAGGATTTGGAAATTGGC-TTATTCCTTTAA--TACTAGGAT--CACCTGATATAGCATTCCCCCGAATAAATAAT

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
810 820 830 840 850 860 870 880
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

AMC_1	ATTGGAGGATTTGGAAATTGGC-TTATTCCTTTAA--TACTAGGAT--CACCTGATATAGCATTCCCCCGAATAAATAAT	798
AMC_2	ATTGGAGGATTTGGAAATTGGC-TTATTCCTTTAA--TACTAGGAT--CACCTGATATAGCATTCCCCCGAATAAATAAT	836
AMM_1	ATTGGAGGATTTGGAAATTGGC-TTATTCCTTTAA--TACTAGGAT--CACCTGATATAGCATTCCCCCGAATAAATAAT	833
AMM_2	ATTGGAGGATTTGGAAATTGGC-TTATTCCTTTAA--TACTAGGAT--CACCTGATATAGCATTCCCCCGAATAAATAAT	869
AMM_3	-TTAAAAAATAATAATATTAACATTGATAATTTAAATTACTAGGATATTAACCTCTTTAAGGACTATATACTTCTCTTTT	824

Majority ATTAGATTTT-GATTACTTCC---TCCCTCATTATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAACTG

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
890 900 910 920 930 940 950 960
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

AMC_1	ATTAGATTTT-GATTACTTCC---TCCCTCATTATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAACTG	874
AMC_2	ATTAGATTTT-GATTACTTCC---TCCCTCATTATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAACTG	912
AMM_1	ATTAGATTTT-GATTACTTCC---TCCCTCATTATTTATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTATCCAAGACCAGGAACTG	909
AMM_2	GTTAGATTTT-GATTACTTCC---TCCCTCATTATTAATACTTTTATTAAGAAATTTATTTTACCCAAGACCAGGAACTG	945
AMM_3	TTAACGTTTTAGATGACTTCCACTTCTTACTATATTTATACGACTATTACCACCTATATGACAAGTAGGTCAAGGACCAG	904

Majority GATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCATATTTATATCATTCTTCACCTTCAGT---AGATTTTG-CAATTTTTTCTCT

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
970 980 990 1000 1010 1020 1030 1040
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

AMC_1	GATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCATATTTATATCATTCTTCACCTTCAGT---AGATTTTG-CAATTTTTTCTCT	950
AMC_2	GATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCATATTTATATCATTCTTCACCTTCAGT---AGATTTTG-CAATTTTTTCTCT	988
AMM_1	GATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCATATTTATATCATTCTTCACCTTCAGT---AGATTTTG-CAATTTTTTCTCT	985
AMM_2	GATGAACAGTATATCCACCATTATCAGCATATTTATATCATTCTTCACCTTCAGT---AGATTTTG-CAATTTTTTCTCT	1021
AMM_3	AACCCATTTTATTTAAAGAATTATTTTCATAATTACTCCCTCCTTCATTAGTTTTAGATTGTAATAAATAAGCCCTT	984

Majority TCAT-ATAT---CAGGAATTCCTCAATTATAGGATCA-TTAAA--CTTAATAGTT--ACAATTATAATAATAAAAAAT

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1050 1060 1070 1080 1090 1100 1110 1120

	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
AMC_1	TCAT-ATAT---CAGGAATTTCTCAATTATAGGATCA-TTAAA--CTTAATAGTT--ACAATTATAATAATAAAAAAAT	1020
AMC_2	TCAT-ATAT---CAGGAATTTCTCAATTATAGGATCA-TTAAA--CTTAATAGTT--ACAATTATAATAATAAAAAAAT	1058
AMM_1	TCAT-ATAT---CAGGAATTTCTCAATTATAGGATCA-TTAAA--CTTAATAGTT--ACAATTATAATAATAAAAAAAT	1055
AMM_2	TCAT-ATAT---CAGGAATTTCTCAATTATAGGATCA-TTAAA--TTTAATAGTT--ACAATTATAATAATAAAAAAAT	1091
AMM_3	TTACGATATAGTCCACTAGGATCATAATTCCTTATTCGGTTAAAGGTTTAGGAGGTTAATCTTTACCATATTGATATTT	1064

Majority TTTTCTATAAATTATGACCAAATTTTCATTATTTCCATGATCAGTTTTTTATTACAG-CAATTTTATTAATTA-TATCATT

	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	1130 1140 1150 1160 1170 1180 1190 1200	
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
AMC_1	TTTTCTATAAATTATGACCAAATTTTCATTATTTCCATGATCAGTTTTTTATTACAG-CAATTTTATTAATTA-TATCATT	1098
AMC_2	TTTTCTATAAATTATGACCAAATTTTCATTATTTCCATGATCAGTTTTTTATTACAGGCAATTTTATTAATTA-TATCATT	1137
AMM_1	TTTTCTATAAATTATGACCAAATTTTCATTATTTCCATGATCAGTTTTTTATTACAG-CAATTTTATTAATTA-TATCATT	1133
AMM_2	TTTTCTATAAATTATGACCAAATTTTCATTATTTCCATGATCAGTTTTTTATTACAG-CAATTTTATTAATTA-TATCATT	1169
AMM_3	TTTCTAATAATCTTTACGCACCGATCATTGTTAACATAA---TATTTAACTAG-CAAT--AATTAAGTACTAGGACCT	1137

Majority CCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATTTTAATACATCATTTTTTCGATCXTATXXXXXXXX

	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
	1210 1220 1230 1240 1250 1260 1270 1280	
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	
AMC_1	CCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTA	1131
AMC_2	CCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATTTTAATACATCATTTTTTCG	1201
AMM_1	CCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATACTATTATTTGATCGAAATTTTAATACATCATTTGTTTCGATCCTATAGGAGGTGG	1213
AMM_2	CCTGTATTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTATTTGATCGAAATTTTAATACATCATTTTTTTCGATCCTATAGGAG	1245
AMM_3	CTAGAATTAAGATAAGC--TTATTATTCAGAGTAACTACTTGGATTATAAGGTCTAGTATTTTCGATCTTATTATATGTTC	1215