

```

empty_aligned_difffDataType.xml
<?xml version="1.0" encoding="iso-8859-1"?>
<?xmlstylesheet type="text/xsl" href="stylesheet_PGD.xsl"?>


<!-- fill the text in the tags and delete not used optional (empty) tags!!! --&gt;

&lt;PGD&gt;

&lt;header title=""&gt;
  &lt;organism&gt;&lt;/organism&gt;          &lt!-- optional --&gt;
  &lt;numPop&gt;&lt;/numPop&gt;
  &lt;numReads&gt;&lt;/numReads&gt;          &lt!-- mixed/ 1/ 2/ ... --&gt;
  &lt;aligned&gt;&lt;/aligned&gt;            &lt!-- yes/ no --&gt;
  &lt;missing&gt;&lt;/missing&gt;
  &lt;gap&gt;&lt;/gap&gt;
  &lt;gameticPhase&gt;&lt;/gameticPhase&gt;    &lt!-- optional ; known/ unknown --&gt;
  &lt;recessiveData&gt;&lt;/recessiveData&gt;  &lt!-- optional ; yes/ no --&gt;
&lt;/header&gt;

&lt;loci&gt;
  &lt;lociNum&gt;&lt;/lociNum&gt;           &lt!-- mixed/ DNA/ Microsat/ RFLP/ AFLP/ Standard/
  &lt;loci DataType&gt;&lt;/loci DataType&gt;   &lt;!-- mixed/ DNA/ Microsat/ RFLP/ AFLP/ Standard/
Frequency/... --&gt;
  &lt;!-- locus block can exist multiple (same number as the number of loci) --&gt;
  &lt;locus id=""&gt;
    &lt;locusDataType&gt;&lt;/locusDataType&gt;    &lt;!-- if loci DataType = mixed; DNA/ Microsat/
RFLP/ AFLP/ Standard/ Frequency/... --&gt;
    &lt;locusChromosome&gt;&lt;/locusChromosome&gt; &lt;!-- optional ; number/ X/ Y/ V/ W/ mtDNA/ ... --&gt;
  --&gt;
    &lt;locusLocation&gt;&lt;/locusLocation&gt;    &lt;!-- optional --&gt;
    &lt;locusGenic&gt;&lt;/locusGenic&gt;         &lt;!-- optional ; coding/ noncoding --&gt;
    &lt;locusLength&gt;&lt;/locusLength&gt;        &lt;!-- optional --&gt;
    &lt;locusLinks&gt;&lt;/locusLinks&gt;         &lt;!-- optional --&gt;
    &lt;locusComments&gt;&lt;/locusComments&gt;    &lt;!-- optional --&gt;
  &lt;/locus&gt;
&lt;/loci&gt;

&lt;!-- population block can exist multiple (same number as the number of populations) --&gt;
&lt;population name=""&gt;
  &lt;popSize&gt;&lt;/popSize&gt;             &lt;!-- optional , (for all ind in this pop the
  &lt;popGeogCoord&gt;&lt;/popGeogCoord&gt;      same); lon, lat --&gt;
  &lt;popLinkingGroup&gt;&lt;/popLinkingGroup&gt; &lt;!-- optional , (for all ind in this pop the
  same) --&gt;
  &lt;popNumReads&gt;&lt;/popNumReads&gt;       &lt;!-- if numReads = mixed; mixed/ 1/ 2/ ... --&gt;
  &lt;!-- ind block can exist multiple (same number as the population size) --&gt;
  &lt;ind name=""&gt;
    &lt;indGeogCoord&gt;&lt;/indGeogCoord&gt;    &lt;!-- optional ; lon, lat --&gt;
    &lt;indLinkingGroup&gt;&lt;/indLinkingGroup&gt; &lt;!-- optional --&gt;
    &lt;indLoci&gt;&lt;/indLoci&gt;               &lt;!-- locus, locus, ... (all locus of same data
type,
sequence) per tag is allowed) --&gt;
    &lt;indNumReads&gt;&lt;/indNumReads&gt;
    &lt;indFreq&gt;&lt;/indFreq&gt;               &lt;!-- if nucleotide data only one locus (one
sequence) per tag is allowed) --&gt;
    &lt;!-- data block can exist multiple (same number as the number of reads) --&gt;
    &lt;data&gt;&lt;/data&gt;                   &lt;!-- data of locus, data of locus, ... --&gt;
  &lt;/ind&gt;
&lt;/population&gt;

&lt;!-- optional block --&gt;
&lt;structure name=""&gt;
  &lt;numGroups&gt;&lt;/numGroups&gt;
  &lt;group name=""&gt;&lt;/group&gt;           &lt;!-- population name, population name, ... --&gt;
&lt;/structure&gt;

&lt;!-- optional block --&gt;
&lt;distanceMatrix name=""&gt;
</pre>

```

```
empty_ali gned_difDataT ype.xml
<matrixSize></matrixSize>
<matrixLabels></matrixLabels>
<matrix>
</matrix>
...
</di stanceMatrix>
</PGD>
```