

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Citar este artículo como: Bocanegra-González KT, Thomas E, Guillemín ML, Alcázar Caicedo C, Mocoso Higuít LG, Gonzalez MA, de Carvalho D. 2019. Diversidad y estructura genética de cuatro especies arbóreas claves del Bosque Seco Tropical en Colombia. *Caldasia* 41(1):78–91. doi: 10.15446/caldasia.v41n1.71327

Anexo 1. Marcadores ISSR usados para los análisis en cada una de las cuatro especies estudiadas y número de bandas por locus.

Marcador	Secuencia (5'-3')	<i>Busera simaruba</i>	<i>Platymiscium pinnatum</i>	<i>Hura crepitans</i>	<i>Caesalpinia ebano</i>	Referencias
UBC-808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	9	10	4	6	(Manimekalai y Nagarajan 2006)
UBC-809	AGA GAG AGA GAG AGA GG	11				(Soares <i>et al.</i> 2016, Tuisima <i>et al.</i> 2016)
UBC-811	GAG AGA GAG AGA GAG AT	8				(Zhou <i>et al.</i> 2014, Duarte <i>et al.</i> 2015, Soares <i>et al.</i> 2016)
UBC-814	CTCTCTCTCTCTCTA		8		7	(Sofalian <i>et al.</i> 2008)
UBC-825	ACA CAC ACA CAC ACA CT			9	6	(Hu <i>et al.</i> 2014, Zhou <i>et al.</i> 2014, Duarte <i>et al.</i> 2015, Soares <i>et al.</i> 2016)
UBC-827	ACA CAC ACA CAC ACA CG	7	6			(Duarte <i>et al.</i> 2015)
UBC-834	AGAGAGAGAGAGAGAGYT	6	8		8	(Soares <i>et al.</i> 2016)
UBC-835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC		4	11		(Zhou <i>et al.</i> 2014, Duarte <i>et al.</i> 2015)
UBC-840	GAGAGAGAGAGAGAGAYT	10	8	12	6	(Sofalian <i>et al.</i> 2008)

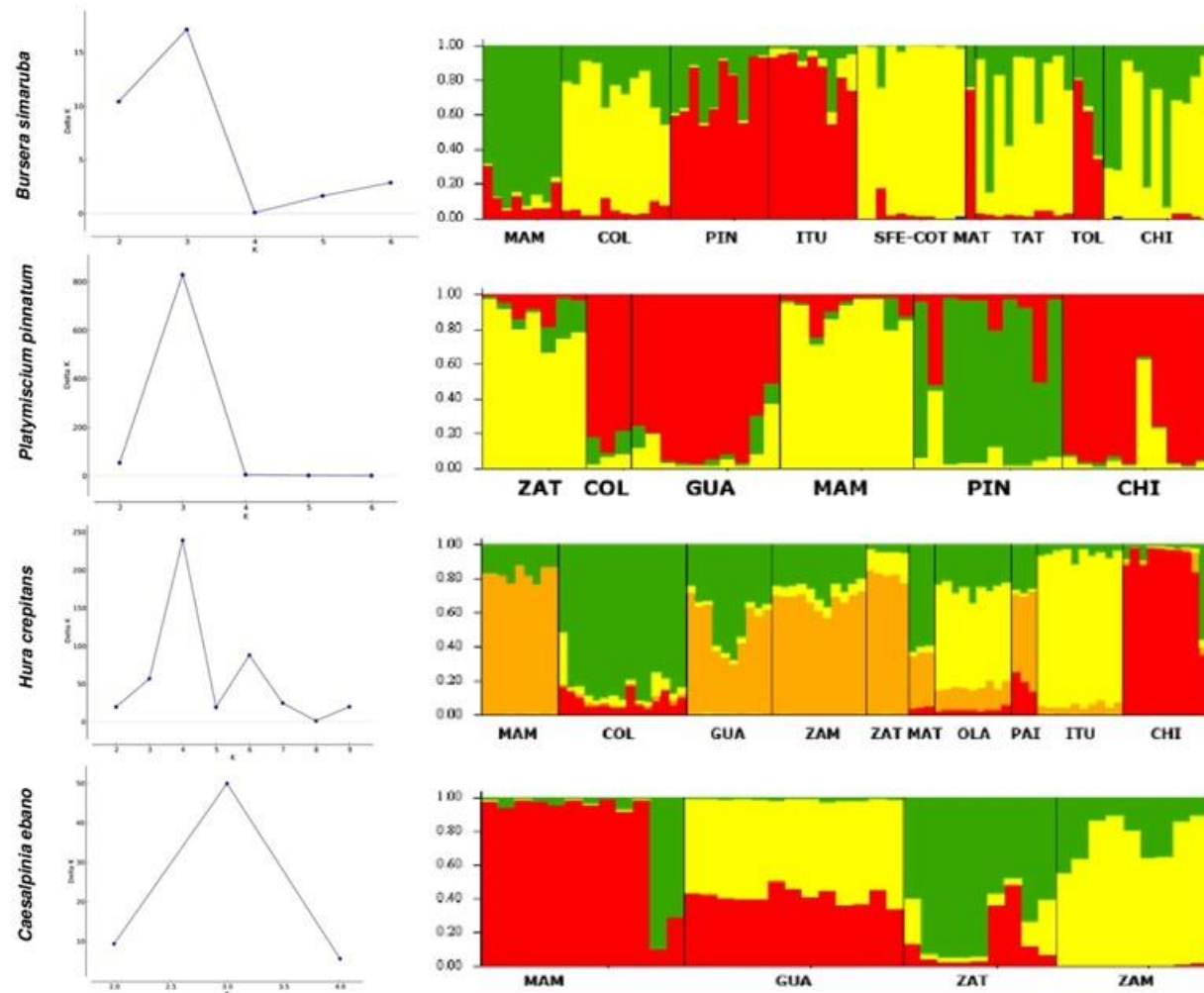
Marcador	Secuencia (5'-3')	<i>Busera simaruba</i>	<i>Platymiscium pinnatum</i>	<i>Hura crepitans</i>	<i>Caesalpinia ebano</i>	Referencias
UBC-841	GAG AGA GAG AGA GAG AYC				7	(Hu <i>et al.</i> 2014, Zhou <i>et al.</i> 2014, Duarte <i>et al.</i> 2015, Tuisima <i>et al.</i> 2016)
UBC-842	GAG AGA GAG AGA GAG AYG		8		10	(Duarte <i>et al.</i> 2015)
UBC-843	CTCTCTCTCTCTCTRA				8	(Santana <i>et al.</i> 2016)
UBC-848	CAC ACA CAC ACA CAC ARG		6		4	(Hu <i>et al.</i> 2014, Soares <i>et al.</i> 2016)
John	AGA GAG AGA GAG AGYC	7		9		(Duarte <i>et al.</i> 2015)
Terry	GTGGTGGTGRC	10				(Bently <i>et al.</i> 2015)
Número total de bandas		68	58	45	62	
% de loci polimórficos		68.38	64	66.31	66	

Referencias

- Bentley L, Barker NP, Dold AP. 2015. Genetic diversity of the endangered *Faucaria tigrina* (Aizoaceae) through ISSR “fingerprinting” using automated fragment detection. *Biochem. Sys. Ecol.* 58:156–161. doi: 10.1016/j.bse.2014.11.012.
- Duarte JF, de Carvalho D, de Almeida VF. 2015. Genetic conservation of *Ficus bonijesulapensis* RM Castro in a dry forest on limestone outcrops. *Biochem. Sys. Ecol.* 59:54–62. doi: 10.1016/j.bse.2015.01.008.
- Hu ZY, Lin L, Deng JF, Wang SH. 2014. Genetic diversity and differentiation among populations of *Bretschneidera sinensis* (Bretschneideraceae), a narrowly distributed and endemic species in China, detected by inter-simple sequence repeat (ISSR). *Biochem. Sys. Ecol.* 56:104–110. doi: 10.1016/j.bse.2014.04.007.

- Manimekalai R, Nagarajan P. 2006. Assessing genetic relationships among coconut (*Cocos nucifera* L.) accessions using inter simple sequence repeat markers. *Sci. Hortic.* 108:49–54. doi: 10.1016/j.scienta.2006.01.006
- Santana JGS, Nascimento ALS, Costa TS, de Almeida TMB, Rabbani ARC, Muniz ADS. 2016. Estimation of genetic diversity in a natural population of cambui tree (*Myrciaria tenella* O. Berg) using ISSR markers. *Genet. Mol. Res.* 15:15048819. doi: 10.4238/gmr.15048819.
- Soares ANR, Vitória MF, Nascimento ALS, Ledo AS, Rabbani ARC, Silva AVC. 2016 Genetic diversity in natural populations of mangaba in Sergipe, the largest producer State in Brazil. *Genet. Mol. Res.* 15:1503–8624. doi: 10.4238/gmr.15038624
- Sofalian O, Chaparzadeh N, Javanmard A, Hejazi MS. 2008. Study the genetic diversity of wheat landraces from northwest of Iran based on ISSR molecular markers. *Int. J. Agric. Biol.* 10: 466–468.
- Tuisima LL, Hlásná-Čepková P, Lojka B, Weber JC, Alves-Milho SF. 2016. Genetic diversity in *Guazuma crinita* from eleven provenances in the Peruvian Amazon revealed by ISSR markers. *Bosque.* 37:63–70. doi: 10.4067/S0717-92002016000100007
- Zhou TH, Wu KX, Qian ZQ, Zhao GF, Liu ZL, Li S. 2014. Genetic diversity of the threatened Chinese endemic plant, *Sinowilsonia henryi* Hems. (Hamamelidaceae), revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Biochem. Sys. Ecol.* 56:171–177. doi: 10.1016/j.bse.2014.05.017.

Anexo 2. Asignación Bayesiana de individuos en grupos genéticos ΔK usando el programa STRUCTURE v2.3.4. Cada individuo está representado por una línea horizontal, y cada color representa un grupo genético. El ancho de cada color indica la probabilidad de que un individuo sea asignado al grupo respectivo.



Anexo 3. Localidades muestreadas por especie, grupos genéticos y promedio de afiliación de las poblaciones a cada grupo. *El tamaño de los círculos representa el tamaño de la muestra por sitio.

