



Centros de origen, domesticación y diversidad genética de la ciruela mexicana, *Spondias purpurea* (Anacardiaceae)

Origin, domestication, and genetic diversity centers of the Mexican plum, *Spondias purpurea* (Anacardiaceae)

Norka María Fortuny-Fernández¹ , Miriam Monserrat Ferrer^{1,2} , María del Rocío Ruenes-Morales¹

¹ Universidad Autónoma de Yucatán, Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Departamento de Conservación y Manejo de Recursos Naturales Tropicales, km 15.5 Carretera Mérida-Xmatkuil, Apdo. postal 4-116, Itziminá, 97143 Mérida, Yucatán, México.

² Autor para la correspondencia: mferrer@correo.uady.mx

Citar como:

Fortuny-Fernández, N. M., M. M. Ferrer y M. del R. Ruenes-Morales. 2017. Centros de origen, domesticación y diversidad genética de la ciruela mexicana, *Spondias purpurea* (Anacardiaceae). *Acta Botanica Mexicana* 121: 7-38. DOI: <http://dx.doi.org/10.21829/abm121.2017.1289>

Recibido: 2 de febrero de 2016.

Revisado: 10 de octubre de 2016.

Aceptado: 18 de mayo de 2017.

DOI:

<http://dx.doi.org/10.21829/abm121.2017.1289>

RESUMEN:

Antecedentes y Objetivos: La identificación de poblaciones silvestres, con manejo agrícola o silvícola en los centros de origen y domesticación de plantas, es una acción importante en la conservación de los recursos fitogenéticos. Para identificar los centros de origen, domesticación y diversidad genética de *Spondias purpurea* en Mesoamérica se realizó un análisis filogeográfico de la especie.

Métodos: Se amplificó el marcador de DNAcp *trnS-trnG* para 66 accesiones del banco de germoplasma de *S. purpurea* y se obtuvieron las secuencias publicadas en GenBank para este marcador en el género *Spondias*. Las secuencias se agruparon en 54 poblaciones distribuidas de siete provincias biogeográficas de Mesoamérica, de acuerdo con las localidades de las colectas, y en tres categorías: silvestre, silvícola y agrícola.

Resultados clave: Se identificaron 38 haplotipos diferentes de los cuales 17 son exclusivos de *S. purpurea*, 12 a *S. mombin*, dos a *S. radlkoferi* y tres a *S. testudinis*; uno agrupa a *S. purpurea* y *S. mombin*, y uno a *S. purpurea* y *S. radlkoferi*. El análisis de contingencia anidada resultó en cinco grupos de haplotipos para las secuencias de todas las especies y otros cinco para los haplotipos de *S. purpurea*.

Conclusiones: El análisis de los resultados sugiere lo siguiente: 1) la falta de diferenciación entre los linajes podría deberse a hibridación entre las especies del género, lo que debe comprobarse con otros marcadores moleculares; 2) el centro de origen de *S. purpurea* se encuentra en la región de occidente de México (Jalisco, Nayarit, Michoacán); 3) el centro de origen y la región de Guatemala son centros de domesticación de *S. purpurea*; 4) existen ocho poblaciones que contienen haplotipos importantes para la conservación del germoplasma y tres provincias con diversidad nucleotídica importante.

Palabras clave: árboles frutales, filogeografía, red de haplotipos, *Spondias mombin*, *Spondias radlkoferi*, *Spondias testudinis*.

ABSTRACT:

Background and Aims: Conservation of wild and cultivated populations in which cultivated plants originated and were domesticated is an important management action for phylogenetic resources. The aim of this study was to identify the centers of origin, domestication and genetic diversity of *Spondias purpurea* in Mesoamerica through phylogeographic analyses.

Methods: The *trnS-trnG* cpDNA marker was amplified for 66 accessions from the germplasm bank of *S. purpurea* and sequences from Genbank published for the genus *Spondias* were retrieved. Sequences were grouped in 54 populations from seven biogeographic provinces based on populations sampled, and, based on the management status of the specimens, in three categories: wild, forestry management and agricultural management.

Key results: In total, 38 different haplotypes were identified, 17 were exclusive for *S. purpurea*, 12 to *S. mombin*, two to *S. radlkoferi*, and three to *S. testudinis*; one grouped both *S. purpurea* and *S. mombin*, and one both *S. purpurea* and *S. radlkoferi*. Five groups of haplotypes were identified with the nested contingency analysis for all sequences of the genus, and another five for the *S. purpurea* sequences.

Conclusions: Analyses of the results suggest the following: 1) the lack of differentiation between the lineages may be due to hybridization between species of this genus, a hypothesis yet to be tested with other molecular markers; 2) the Western region of Mexico (Jalisco, Nayarit, Michoacán) is the center of origin; 3) the center of origin as well as Guatemala are domestication centers; 4) eight populations are particularly important for germplasm conservation programs due to the haplotypes they contain and three provinces with high nucleotide diversity.

Key words: fruit trees, haplotype network, phylogeography, *Spondias mombin*, *Spondias radlkoferi*, *Spondias testudinis*.

INTRODUCCIÓN

Los conceptos de centro de origen de una especie, centro de domesticación y centro de diversidad genética juegan un papel importante en la priorización de áreas de conservación y manejo de recursos fitogenéticos. El centro de origen de una especie es el área geográfica en donde surge este taxon y desde el cual se dispersó y adquirió su distribución actual (Croizat et al., 1974). El centro de domesticación de una planta con manejo agrícola es aquella región en donde ocurrió la domesticación más temprana de las plantas silvestres que constituyen los sistemas de alimentación de los distintos pueblos (Engels et al., 2006; Boege, 2009). El centro de diversidad genética, por otra parte, es el sitio en donde existen tanto poblaciones silvestres como diferentes razas o variantes silvestres de una planta cultivada (Engels et al., 2006; Boege, 2009).

La domesticación y diversificación no son eventos históricos únicos que se desarrollen en un momento dado, sino que se trata de un largo proceso de dispersión y adaptación continua (Engels et al., 2006; Zeder et al., 2006; Boege, 2009; Piperno, 2011), a diferencia del origen de una especie que ocurre una sola vez, por lo que pueden existir varios centros de domesticación y diversidad genética para una especie cultivada. Los centros de origen, domesticación y diversidad genética son regiones importantes para la conservación del germoplasma original de las especies, porque los ancestros silvestres de las especies cultivadas son recursos fitogenéticos importantes que pueden contribuir a resolver problemas de alimentación presentes o futuros mediante planes de mejoramiento genético (Engels et al., 2006; Hernández-Verdugo et al., 2006; Boege, 2009; Jamnadass et al., 2009).

Adicionalmente, identificar los centros de domesticación y diversidad genética proporciona una información valiosa para entender cómo operaron los mecanismos de selección en plantas manejadas por el hombre (Zeder et al., 2006; Boege, 2009). Para establecer el centro de origen y los centros de domesticación de una especie, es necesario recopilar información utilizando evidencia paleoecológica, arqueológica y filogenética. Sin embargo, en los casos en los que no existen estudios

paleoecológicos y/o registros arqueológicos, la información filogeográfica obtenida con marcadores moleculares puede ayudar a inferir tanto el centro de origen, como el número aproximado y sitio en donde ocurrió la domesticación de la especie (Jamnadass et al., 2009).

Uno de los enfoques más empleados para el estudio evolutivo de plantas domesticadas es el de la filogeografía (Schaal et al., 1998; Schaal y Olsen, 2000; Doebley et al., 2006; Engels et al., 2006; Jamnadass et al., 2009; Gross y Olsen, 2010), entendida como el estudio de los principios y procesos que rigen la distribución espacial de los linajes genealógicos dentro y entre especies (Avice, 2000). Los marcadores moleculares de DNA de cloroplasto son los que se han privilegiado en los estudios filogeográficos de las plantas, porque tienen mayor probabilidad de retener la información biogeográfica (Burger et al., 2008; Byrne y Hankinson, 2012; Nybom et al., 2014). En términos generales se asume que la diversidad genética de las especies cultivadas es menor que la de sus ancestros silvestres como consecuencia de la selección direccional y los cuellos de botella a que se someten las especies domesticadas. Sin embargo, existe evidencia de que tanto el flujo génico como la endogamia son inducidas por la domesticación. Por ejemplo, en plantas domesticadas en Mesoamérica, se propició el flujo génico a través de la dispersión deliberada de explantes de *Stenocereus pruinosus* (Otto ex Pfeiff.) Buxb. (Parra et al., 2012), o la endogamia por la selección de fenotipos que tienden a auto-polinizarse con mayor frecuencia en *Polaskia chichipe* (Gosselin) Backeb. (Otero-Arnaiz et al., 2003).

Mesoamérica se reconoce como uno de los principales centros de origen, domesticación y diversidad biológica de plantas cultivadas para la alimentación humana y animal (Vavilov, 1951; Harlan, 1971; Perales-Rivera y Aguirre-Rivera, 2008), en donde se domesticaron más de 100 especies de plantas (Hernández-Xolocotzi, 1998; Casas et al., 2007). La ciruela mexicana (*Spondias purpurea* L.) es una especie semi-domesticada, con niveles incipientes o intermedios de domesticación en la región Mesoamericana (Miller y Knouft, 2006; Ruenes-Morales et al., 2010) en la que las poblaciones cultivadas presentan una gran similitud genética con las poblaciones silvestres (Miller y Schaal,



2006). Estudios filogeográficos previos sugieren dos probables centros de domesticación de esta especie, uno en las selvas bajas caducifolias del sur de Jalisco y Colima, y otro en las selvas bajas de la costa sur de El Salvador (Miller y Schaal, 2005). Sin embargo, se desconoce cuál es el centro de origen de esta especie, y si existen otros sitios adicionales de domesticación a los reportados por Miller y Schaal (2005). Ruenes-Morales et al. (2010) sugieren a la Península de Yucatán como otro sitio de domesticación ya que se encuentra una gran diversidad de formas cultivadas de esta especie. La falta de información sobre sitios adicionales de domesticación puede deberse en gran medida a la falta de inclusión de ejemplares de sitios donde la especie se distribuye en México y que no fueron incluidos en los trabajos de Miller y Schaal, 2005 y Miller, 2008. Al incrementarse el número de muestras representativas de diferentes regiones es posible detectar un número mayor de eventos de domesticación, como se demostró en el caso del frijol lima “ib” (*Phaseolus lunatus* L.) (Andueza-Noh, 2012).

Para este estudio nos preguntamos lo siguiente: ¿cuál es el centro de origen de *Spondias purpurea* y cuáles son sus diferentes centros de domesticación y diversidad genética en Mesoamérica? Para lograr tal objetivo, se realizó un análisis filogeográfico empleando el espaciador intergénico *trnS-trnG* del cloroplasto. Las secuencias analizadas se obtuvieron de colectas llevadas a cabo por las autoras, ejemplares del banco de germoplasma de la red de ciruela del Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI, de aquí en adelante) y las reportadas por Miller y Schaal (2006). Para su análisis las secuencias se agruparon en 54 poblaciones que se presentan en nueve de las 14 regiones biogeográficas reconocidas por Espinosa-Organista et al. (2008) para la región Mesoamericana de México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Aislamiento, amplificación y secuenciación de DNA

El DNA genómico se obtuvo de tejido foliar de 66 individuos de *Spondias purpurea* que constituyen la co-

lección viva que es el reservorio de germoplasma de la Red Ciruela SINAREFI, que se encuentran albergada en el Centro Regional Universitario de la Península de Yucatán-Universidad Autónoma Chapingo (CRUPY-UACH, de aquí en adelante). Las colectas para conformar este banco de germoplasma se realizaron en cuatro regiones productoras de ciruela mexicana: Vertiente Pacífico Norte (Jalisco, Nayarit, Sinaloa y Sonora); Vertiente Pacífico Sur (Chiapas, Guerrero, Michoacán y Oaxaca), Centro-Sur (Morelos, Puebla y Veracruz), y Sureste de México (Campeche, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán).

En cada una de las zonas se colectaron estacas (1 m de altura y 5 cm de diámetro) de individuos en pie para las principales variedades tradicionales de la ciruela mexicana y de las poblaciones silvestres remanentes en las zonas, de acuerdo a las indicaciones de informantes clave. Las estacas colectadas se mantienen en las instalaciones del CRUPY-UACH y un respaldo en la Universidad Autónoma de Yucatán (UADY) y la información de las colectas (nombre de la variedad, colector(es), geo-referencias, usos de la planta) se mantiene en la base de datos del banco de germoplasma a cargo del SINAREFI. La distribución de las accesiones corresponde al siguiente número de individuos por estado de procedencia: 12 de Campeche, 15 de Morelos, uno de Nayarit, uno de Michoacán, dos de Jalisco, uno de Sinaloa, dos de Tabasco, tres de Veracruz y 27 de Yucatán (Apéndice 1).

El DNA se extrajo de muestras de 250 mg de tejido macerado con nitrógeno líquido empleando el método CTAB mini-prep modificado por Falcón y Valera (2007). La pureza del DNA genómico se evaluó mediante electroforesis en geles de agarosa borato de sodio a 0.8% (Brody y Kern, 2004) y se cuantificó usando un nano-espectrofotómetro (Nanodrop 1000 Spectrophotometer Thermo Scientific, Wilmington, EUA).

La amplificación de las muestras de DNA genómico se realizó utilizando los cebadores reportados por Miller y Schaal (2005) para el marcador del espacio intergénico *trnS-trnG* de DNA de cloroplasto. La reacción de PCR se hizo en 10 µl que incluyen 1.5 µl de DNA genómico (20 ng aproximadamente), 0.2 µl del cebador senti-

do (35 mM) y 0.2 µl del cebador contrasentido (35 mM), 4.5 µl de GoTaq (2X) y 3.6 µl de H₂O. Las condiciones del termociclador (Techne-512, Barlorworld Scientific US, Burlington, EUA) para las PCR fueron las siguientes: desnaturalización 95 °C por 2 min; siete ciclos: 94 °C por 45s, 68 °C por 45s (disminuyendo 2 °C en cada ciclo), 72 °C por 60s, 30 ciclos, 94 °C por 45s, 48 °C por 45s, 72 °C por 60s y extensión final: 72 °C por 5 min. El producto de la PCR se purificó con el kit Clean Wizard (Promega) siguiendo las instrucciones del proveedor. Los amplicones purificados fueron enviados a secuenciar a The Centre for Applied Genomics del Sick Kids Hospital de la ciudad de Toronto, Canadá (TCAG por sus siglas en inglés) en el que se emplea un secuenciador ABI 3730XL (Applied Biosystems, Carlsbad, EUA).

Obtención de secuencias de GenBank

Para tener una mayor representatividad de especímenes cultivados y silvestres de *Spondias purpurea* y de las especies hermanas *S. mombin* var. *mombin*, *S. mombin* var. *globosa* J.D. Mitch. & D.C. Daly, *S. radlkoferi* Donn. Sm. y *S. testudinis* J.D. Mitch. & D.C. Daly, se obtuvieron las secuencias publicadas en GenBank (2015), con una búsqueda en la base Nucleotide empleando las palabras clave “*Spondias*” y “*trnS-trnG*”. La información de la localidad y el tipo de población de la que se obtuvo el ejemplar (silvestre, cerca viva, cerca natural, cultivado y parcelas) se recopiló en la base de datos Tropicos (TROPICOS, 2015) que alberga la información de las accesiones analizadas por Miller y Schaal (2005) que fueron depositadas en el herbario del Missouri Botanical Garden (MO). El tipo de manejo y la ubicación geográfica exacta para las colectas de Brasil no pudo obtenerse. La información de la ubicación geográfica, tipo de población, así como los números de accesiones del GenBank se reportan en el Apéndice 1.

Adicionalmente, se obtuvieron de GenBank: a) 51 secuencias de región intergénica *trnA-trnH* de DN_{Acp}, 48 secuencias para siete especies del género *Spondias*, dos secuencias de la especie *Pseudospondias microcarpa* (A. Rich.) Engl. (Anacardiaceae) y una secuencia de *Cana-*

rium balansae Engl. (Burseraceae), y b) 90 secuencias del marcador de DNA nuclear fosfoenol piruvato carboxilasa (PEPC): 51 secuencias para tres especies del género *Spondias* L. (Anacardiaceae) y 49 secuencias de 19 especies de *Bursera* Jacq. ex L. (Burseraceae) cuyas descripciones y número de accesión del GenBank se reportan en el Apéndice 2.

Agrupamiento de secuencias en provincias biogeográficas y por estatus de domesticación

Cada uno de los ejemplares para los que se obtuvieron secuencias se asignó a una de 54 poblaciones de acuerdo con su distribución geográfica (latitud y longitud) y éstas fueron numeradas de 1 a 54, de la distribución más austral hasta la más boreal (Apéndice 1). Las localidades de todos los ejemplares fueron mapeadas en Google Maps (figura no mostrada) con base en sus coordenadas geográficas, y ubicadas dentro de las áreas de distribución de las provincias biogeográficas modificadas por Espinosa-Organista et al. (2008). Las poblaciones de *S. purpurea* y las de sus especies hermanas están presentes en siete provincias biogeográficas: Eje Neovolcánico, Sierra Madre del Sur, Los Altos de Chiapas, Costa del Pacífico, Depresión del Balsas, Golfo de México y Península de Yucatán (Apéndice 1).

Los ejemplares se agruparon también por estatus de manejo empleando una categorización propuesta por Parra et al. (2012) quienes incluyen: 1) poblaciones silvestres, 2) manejo silvícola y 3) manejo agrícola. Estas tres categorías reconocen que los recursos fitogenéticos de Mesoamérica son colectados muchas veces de las poblaciones silvestres, mientras que en otros casos individuos silvestres son tolerados y mantenidos en vegetación primaria o secundaria, y otros tantos se cultivan en las parcelas o en los huertos de la casa donde se manejan con prácticas agrícolas (Casas et al., 2007; Parra et al., 2012). Los tres estatus de manejo para las poblaciones de ciruela corresponderían a 1) silvestres (en donde la ciruela puede o no ser recolectada), 2) manejo silvícola (toleradas en cercas vivas y cercas naturales) y 3) manejo agrícola (presentes en huertos familiares y cultivadas en parcelas).



Cabe destacar que debido al muestreo dirigido realizado por Allison Miller (Miller y Schaal, 2005) y los colectores asociados a la red frutal ciruela del SINAREFI, en cada población todos los ejemplares tienen solo uno de los estatus de manejo.

Alineación de las secuencias y prueba de neutralidad

Las secuencias se alinearon usando el algoritmo ClustalX con el paquete MEGA 5 (Tamura et al., 2011). El alineamiento final se revisó de manera visual. Para comprobar la neutralidad en la evolución molecular de las secuencias de la región del cloroplasto *trnS-trnG*, se usaron los estadísticos D de Tajima y D^* de Fu y Li (Nei y Kumar, 2000) con el programa DnaSP 3.19 (Librado y Rozas, 2009).

Diversidad genética en poblaciones, regiones biogeográficas y por tipos de manejo

Los análisis de diversidad genética se realizaron solo para las secuencias de *S. purpurea*. Se registraron las frecuencias de los haplotipos para cada población, y los índices de diversidad haplotípica (H_d) y diversidad nucleotídica (p) se estimaron para cada provincia biogeográfica y para los datos agrupados en las tres categorías de manejo.

Análisis filogeográfico de las secuencias

El análisis filogeográfico para examinar las relaciones entre las áreas de distribución y los linajes genéticos de *S. purpurea* y sus especies hermanas se realizó obteniendo una red de haplotipos (Schaal et al., 1998; Avise, 2000). La red de haplotipos se obtuvo con la ayuda del programa TCS 1.21 (Clement et al., 2000) uniéndolos a todos hasta con un máximo de 70 diferencias. Los análisis de contingencia anidada para agrupar a los haplotipos (Templeton y Singt, 1993) se realizaron con el programa PopArt 1 (2014) en el módulo TCS. Se examinó la frecuencia de los diferentes haplotipos por especie y por poblaciones, así como tipo de manejo para cada grupo, con el fin de reconstruir la historia de los linajes genéticos de las cuatro especies de *Spondias* y para *S. purpurea* por separado.

Determinación de centros de origen, domesticación y diversidad genética

Se efectuaron análisis filogenéticos con: 1) región intergénica *trnA-trnH* de cloroplasto y 2) gen nuclear fosfoenol piruvato carboxilasa; para orientar la red de haplotipos de las especies de *Spondias* mesoamericanas. El alineamiento de las secuencias se realizó con el algoritmo ClustalW y una edición manual posterior con el programa MEGA 5.0 (Tamura et al., 2011), se obtuvieron dos alineamientos de longitud de 541 y 693 pares de bases, con 86 y 254 sitios variables, y 43 y 183 sitios parsimoniosamente informativos para la región intergénica *trnA-trnH* de DNA de cloroplasto y para el gen fosfoenol piruvato carboxilasa, respectivamente. Los modelos de sustitución nucleotídica: 1) Tamura 3 parámetros para la región intergénica *trnA-trnH* de DNA de cloroplasto y 2) mismo modelo más distribución gamma para los sitios (0.88) para el gen fosfoenol piruvato carboxilasa se seleccionaron con base a los valores de criterios de información Bayesiana y de información Akaike obtenidos en el módulo Modeltest del programa MEGA 5.0 (Tamura et al., 2011).

Los cladogramas se optimizaron con el método de máxima verosimilitud; el soporte de los grupos formados se evaluó con 1000 repeticiones con un método de bootstrap y el programa MEGA 5.0 (Tamura et al., 2011). Los cladogramas se emplearon para identificar la(s) especie(s) hermana(s) de *S. purpurea* y, con base en esta información, orientar la red de haplotipos.

La población silvestre de *S. purpurea* en la que se unió el grupo de haplotipos de *S. purpurea* al grupo de haplotipos de la(s) especie(s) hermana(s) se consideró como el centro de origen de la especie.

Los centros de domesticación se identificaron como las regiones dentro de las provincias biogeográficas en las que estuvieron presentes individuos tanto de poblaciones silvestres como aquellas con manejo silvícola y/o agrícola y que se determinaron como un grupo de haplotipos con base en el análisis de contingencia.

Los centros de diversidad genética se identificaron como las poblaciones silvestres, con manejo silvícola y/o

agrícola, en que existen varios haplotipos, así como las provincias en las que los índices de diversidad genética fueran más altos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Alineación de las secuencias y prueba de neutralidad

Las secuencias alineadas para el espacio intergénico *trnS-trnG* de DNA tuvieron una longitud de 592 pares de bases (pb), con 10 indels con longitudes de 1 a 219 pb, 43 sitios variables y 20 sitios parsimoniosamente informativos. El estadístico *D* de Tajima tuvo un valor de -0.89 y el *D** de Fu y Li -1.23. Ambos fueron no significativos ($P > 0.10$), lo que indica neutralidad en la evolución molecular del marcador. Las pruebas de neutralidad en el estudio del marcador *trnS-trnG* en *Spondias* (Miller y Schaal, 2005) fue similar en este estudio, indicando que el marcador es neutral. Por ello, su uso para inferir las relaciones filoge-

néticas entre los individuos evaluados, así como con otros marcadores de cloroplasto, es adecuado, como explican Shaw et al. (2007).

Red de haplotipos y análisis de contingencia anidada

De las 156 secuencias analizadas se identificaron 38 haplotipos diferentes para el marcador *trnS-trnG*, 20 pertenecientes a *S. purpurea*, 12 a *S. mombin* (en sus variedades *mombin* y *globosa*), dos a *S. radlkoferi* y tres a *S. testudinis* (Cuadro 1). Los haplotipos se agruparon en seis grupos en la red anidada de las especies de *Spondias* (Figs. 1A, C). El grupo 1 contiene 80% de las secuencias: los 17 haplotipos asignados de manera exclusiva a *Spondias purpurea*, tres haplotipos en los que están representados *S. purpurea* y *S. mombin* var. *mombin*, uno con *S. purpurea* y *S. radlkoferi* y uno con *S. mombin* var. *mombin* y *S. testudinis* (Cuadro 1). Este grupo se distribuye en las poblaciones 1-2, 5, 9-10, 12-14, 16, 18-21, 24-31,

Cuadro 1: Anidamiento de haplotipos (Hapl.) del marcador *trnS-trnG* de *Spondias* spp. en los grupos determinados en el análisis de contingencia anidada para todas las especies de *Spondias* L. (Grupo 1) y solo para *S. purpurea* L. (Sp, Grupo 2). Los haplotipos exclusivos para *Spondias mombin* L. var. *mombin* (Smm), *Spondias mombin* L. var. *globosa* J.D. Mitch. & D.C. Daly (Smg), *S. radlkoferi* Donn. Sm. (Sr) y *S. testudinis* J.D. Mitch. & Daly (St) no se incluyeron en el análisis del grupo 2.

Hapl.	Especie	Grupos red 1	Grupos red 2	Hapl.	Especie	Grupos red 1	Grupos red 2	Hapl.	Especie	Grupos red 1	Grupos red 2
1	Sp	1	1	14	Smm, Sr	2	-	27	Smm	2	-
2	Sp	1	2	15	Sp	1	2	28	Smm	2	-
3	Sp	1	1	16	Sp	1	5	29	Smm	3	-
4	Sp	1	2	17	Sp, Smm	1	1	29	Smm, Smg	3	-
5	Sp	1	2	18	Sp, Smm	1	3	30	Smm	3	-
6	Sp	1	1	19	Sp	1	3	31	Smg	3	-
7	Sp	1	2	20	Sp	1	1	32	Smg	3	-
8	Sp	1	1	21	Sp	1	3	33	Smm	3	-
9	Sp	1	1	22	Smm	1	-	34	Sr	4	-
10	Sp	1	3	23	Smm	2	-	35	Sr	5	-
11	Sp	1	3	24	Smm	2	-	36	St	1	-
12	Sp	1	4	25	Smm	2	-	37	St	1	-
13	Sp, Sr	1	1	26	Smm	2	-	38	St	1	-

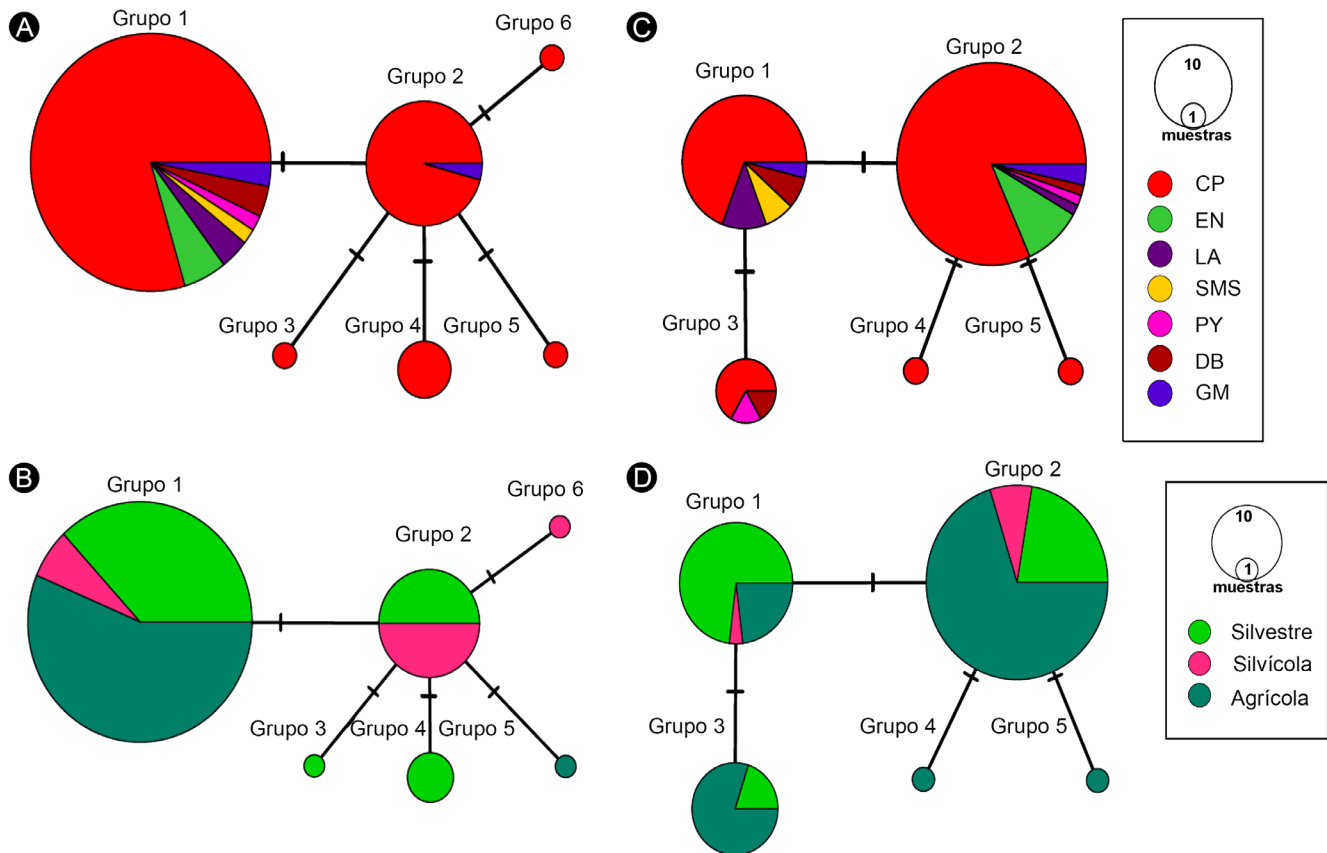


Figura 1: Análisis de contingencia anidada de la red de haplotipos. A, C. *Spondias mombin* L. var. *mombin*, *S. mombin* L. var. *globosa* J.D. Mitch. & D.C. Daly, *S. radlkoferi* Donn. Sm., *S. testudinis* J.D. Mitch. & Daly y *S. purpurea* L.; B, D. *Spondias purpurea*. A, B. distribución de los individuos en las siete provincias biogeográficas (CP=Costa del Pacífico; EN=Eje Neovolcánico; DB=Depresión del Balsas; SMS=Sierra Madre del Sur; GM=Golfo de México; LA=Los Altos de Chiapas; PY=Península de Yucatán); C, D. estatus de manejo de la población: silvestre, silvícola, manejo agrícola.

34-42, 44-54 y en todas las provincias biogeográficas y en las poblaciones de Brasil (Cuadro 2, Fig. 1A); 58% de los ejemplares que pertenecen a este grupo tienen manejo agrícola, 35% provienen de poblaciones silvestres y 7% tienen manejo silvícola (Fig. 1B). Esta información sugiere que este grupo de haplotipos ha sido sometido a un proceso de domesticación y que no hay una asociación entre los diferentes haplotipos que le integran y la distribución geográfica de estos linajes.

El grupo 2 contiene 7 haplotipos de *S. mombin* var. *mombin* y uno que se registró en *S. mombin* var. *mombin* y *S. radlkoferi* (Cuadro 1); dos se distribuyen en las poblaciones 1-4, 6-8, 11-13, 15, 17, 22-23, 32-33, 37 y 43 que se ubican en las provincias de la Costa del Pacífico (en su porción sureste desde Oaxaca hasta Costa

Rica) y en el Golfo de México (Cuadro 2, Fig. 1A); 50% de los ejemplares provienen de poblaciones silvestres y 50% de poblaciones con manejo silvícola (Cuadro 2, Fig. 1B). Esto sugiere que *S. mombin* está en un estado incipiente de domesticación a lo largo de su distribución en Mesoamérica y que los haplotipos que tienen manejo silvícola están todavía presentes en las poblaciones silvestres.

El grupo 3 está integrado por dos haplotipos de *S. mombin* var. *mombin*, dos de *S. mombin* var. *globosa* y uno que comparten las dos variedades (Cuadro 1). Todas las accesiones de este grupo provienen de Brasil (Cuadro 2, Fig. 1A) y no se tiene información sobre el manejo de estas especies. El grupo 4 contiene una secuencia de *S. mombin* var. *mombin* colectada en la población 6 silvestre,

Cuadro 2: Distribución de los haplotipos (Hapl.) de *S. purpurea* L., *S. mombin* L. var. *mombin* (Smm), *S. mombin* L. var. *globosa* J.D. Mitch. & D.C. Daly (Smg) *S. radlkoferi* Donn. Sm. (Sr) y *S. testudinis* J.D. Mitch. & Daly (St) en 54 poblaciones muestreadas (Pob) de provincia biogeográfica; más las de Brasil. Las secuencias se asignaron a 54 poblaciones de acuerdo con los datos de colecta presentados por Miller y Schaal (2006) y con las del banco de datos del SNICS-SINAREFI. CP=Costa del Pacífico; EN=Eje Neovolcánico; DB=Depresión del Balsas; SMS=Sierra Madre del Sur; GM=Golfo de México; LA=Los Altos de Chiapas; PY=Península de Yucatán. Se presenta además su estatus de manejo en la población (EM): silvestre (S), manejo silvícola (MS) y manejo agrícola (MA).

Pob	1 CP	2 CP	3 CP	4 CP	5 CP	6 CP	7 CP	8 CP	9 CP	10 CP	11 CP	12 CP	13 CP	14 CP
Hapl.	13 Smm14	4 Smm14	Smm14	Smm14	4 12	Smm14 Smm27 Smm28	Smm23 Smm23 Sr34	Smm14 Smm24 Smm25 Smm26	4	10	Sr14 Sr35	13 Smm14 Sr13	4 13 17	4
EM	MA	MA	MS	S	MA	S	S	MS	MA	MS	MS	S	S	S
Pob	15 CP	16 CP	17 CP	18 CP	19 CP	20 CP	21 CP	22 CP	23 CP	24 CP	25 CP	26 CP	27 CP	28 CP
Hapl.	Smm4 Smm14	4 15	Smm18	4	4	13	13 18	Smm14	Sr14	4	13	10	4 13	4 13
EM	S	MA	MS	MA	MS	S	MA	MS	S	MA	S	MA	MA	MS
Pob	29 CP	30 CP	31 CP	32 CP	33 CP	34 CP	35 CP	36 CP	37 SMS	38 LA	39 LA	40 GM	41 EN	42 DB
Hapl.	19	4 10 13 20 21	4	Smm14	Smm14	4	4 16	4	4 Smm14	4	6 13	4	1	7 8 9 10
EM	MA	S	MA	S	MA	MA	MA	MA	MA, S	S	S	MA	S	MA
Pob	43 GM	44 PY	45 EN	46 EN	47 CP	48 PY	49 CP	50 PY	51 PY	52 CP	53 CP	54 CP	Brasil	Brasil
Hapl.	Smm14	4	2 5	5	2	11	1 2 4	4	4	4	1 3	4	St36 St37 St38Smm22 Smm29	Smg 29 Smm30 Smm33 Smg 31 Smg 32
EM	S	MA	MA	MA	S	MA	S	MA	MA, S	MA	S	MA	-	-

el grupo 5 una de *S. radlkoferi* de la población 7 con manejo agrícola y el grupo 6 una de *S. radlkoferi* de la población 11 con manejo silvícola (Cuadros 1, 2; Figs. 1A, B).

Los agrupamientos de haplotipos de las cinco especies estudiadas del género *Spondias* sugieren que los pobladores han introducido al cultivo un grupo de linajes genéticos presentes en poblaciones silvestres de *S. purpurea* (grupo 1) en menor proporción (Fig. 1B). Los linajes del grupo 1 han sido poco empleados en sistemas agroforestales donde se hace manejo silvícola (e.g. cercas vivas o vegetación natural o en ranchos

para sombreado) (Fig. 1B). Las especies de *S. mombin* y *S. radlkoferi* son las que se prefieren para dichos usos, como lo sugieren las frecuencias similares de individuos de poblaciones silvestres y con manejo agrícola del grupo 2 (Fig. 1B). El agrupamiento de haplotipos representativos de la región sureste de la provincia de la Costa Pacífica y del Golfo de México (grupo 2), los de Brasil (grupo 3) y de los tres grupos con una secuencia única sugieren una diferenciación de los linajes genéticos que son particulares a la región sureste de Mesoamérica y Sudamérica (Fig. 1A). Por lo tanto, deben considerarse



por separado en los esfuerzos de conservación de los recursos fitogenéticos del género *Spondias*.

El análisis de contingencia anidada para los haplotipos de *Spondias purpurea* permitió identificar 5 grupos en la red anidada (Figs. 1C, D). Tres de los cinco grupos de haplotipos agrupan más de cinco haplotipos, que en general tienen una amplia distribución en las diferentes poblaciones, mientras que dos grupos de haplotipos están confinados a la distribución más austral de la especie (Figs. 1B, D, 2). Las características de cada uno de estos grupos fueron útiles para la identificación de los centros de origen, de diversidad genética y domesticación como se discutirá en las siguientes secciones.

Centro de origen de *Spondias purpurea*

El análisis de la red de haplotipos completa nos indica que *S. mombin* y *S. radlkoferi* forman un grupo diferenciado de *S. purpurea* (Fig. 2). Los haplotipos del grupo *S. purpurea* se caracterizan por tener en su mayoría individuos de esta especie; sin embargo, los haplotipos 13 y 17 se presentan en individuos de *S. radlkoferi* y de *S. mombin* var. *mombin*, respectivamente (Cuadro 1). Estos datos son apoyados por las reconstrucciones filogenéticas para los marcadores fosfoenol piruvato carboxilasa (Fig. 3A) y *trnA-trnH* (Fig. 3B), en los cuales la mayoría de individuos de *S. purpurea* forman un grupo monofilético y en los que algunas ramas terminales tienen agrupados individuos de *S. mombin* var. *mombin* y *S. purpurea*. Los resultados de ambos análisis sugieren: 1) un único origen para *S. purpurea*, 2) tiempo evolutivo corto para la divergencia de algunos linajes del género, 3) hibridación entre individuos de *S. purpurea* con *S. mombin* o *S. radlkoferi* en poblaciones locales. Ambas hipótesis deberán ser comprobadas o rechazadas ampliando el estudio con otros marcadores moleculares incluyendo más individuos de poblaciones en donde las especies crecen de manera simpátrica.

La unión del grupo en que se incluyen las especies de *S. mombin*-*S. radlkoferi* y el grupo en que están incluidas *S. purpurea*-*S. mombin*-*S. radlkoferi* requiere 58 pasos (Fig. 2); por lo anterior, sugerimos que el marcador *trnS-trnG* es una región génica que nos permite diferen-

ciar entre *S. purpurea* y sus dos especies hermanas. Cabe destacar que los haplotipos 14 (*S. mombin*-*S. radlkoferi*) y 2 (*S. purpurea*) son los que unen a los grupos por lo que podría considerarse a este último haplotipo como el ancestral para *S. purpurea* (Fig. 2). Si este es el caso, la región en la que se distribuye el haplotipo 2 (poblaciones 45, 47 y 49) (Cuadro 2, Fig. 4) puede considerarse como el centro de origen de la especie. Estas poblaciones se encuentran en la provincia del Eje Neovolcánico, en el occidente de México entre los estados de Jalisco y Michoacán (Fig. 4), regiones en donde se propone que se han originado el maíz y frijol, entre otras especies cultivadas importantes (Piperno, 2011).

Centros de domesticación

De acuerdo con el análisis de contingencia anidada para *Spondias purpurea*, el grupo 1 contiene nueve haplotipos distribuidos en las poblaciones: 1, 12-13, 20-21, 25, 27-28, 30, 38-39, 41-42, 49 y 53, ubicadas en la provincia de la Costa del Pacífico, en Centroamérica (Nicaragua), el Eje Neovolcánico (Michoacán y Jalisco), la Sierra Madre del Sur y la Depresión del Balsas (Morelos) (Figs. 1B, 5); 73% de los ejemplares provienen de poblaciones silvestres, 23% son de poblaciones con manejo agrícola y 4% con manejo silvícola (Fig. 1D). Este linaje es el que ha sido, en proporción, menos empleado por los grupos humanos. Las regiones en las que existen poblaciones silvestres y con manejo agrícola y/o silvícola dentro de este grupo son: Nicaragua, poblaciones 20 y 21, y en Michoacán, Jalisco y Nayarit, 41, 49 y 53, respectivamente. Estos datos sugieren dos centros de domesticación para los linajes dentro de este grupo, lo que coincide con los resultados de Miller y Schaal (2005).

El grupo 2 contiene 11 haplotipos distribuidos en las poblaciones 2, 5, 9, 13-14, 16, 18-19, 24, 27-28, 30-31, 34-38, 40, 42, 44, 45-47, 49-52 y 54 de todas las provincias biogeográficas (Fig. 4); 69% de los ejemplares provienen de poblaciones con manejo agrícola, 22% de poblaciones silvestres y 9% con manejo silvícola (Fig. 1D). Este linaje es el más extendido y es el que ha sido, en proporción, más empleado por los grupos humanos.

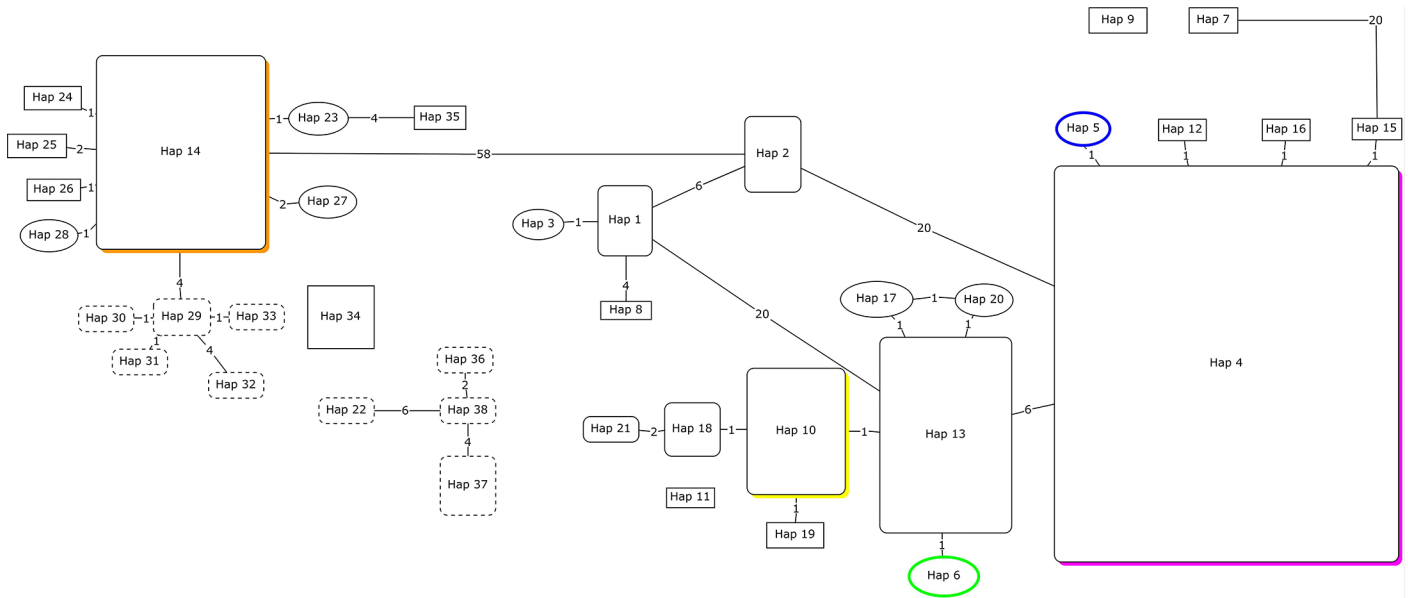


Figura 2: Red de haplotipos para cuatro especies de *Spondias* L. (*S. mombin* L. var. *mombin*, *S. mombin* L. var. *globosa* J.D. Mitch. & D.C. Daly, *S. radlkoferi* Donn. Sm., *S. testudinis* J.D. Mitch. & Daly, y *S. purpurea* L.). Los cuadros con bordes redondeados son haplotipos representados en poblaciones silvestres y con manejo agrícola; con bordes angulares corresponden a poblaciones con manejo silvícola y los óvalos a poblaciones silvestres.

Las regiones en las que existen poblaciones silvestres y con manejo agrícola y/o silvícola dentro de este grupo son: Costa Rica, poblaciones 9, 13 y 16; Honduras y Salvador, 24, 27 y 28; Guatemala, 30, 34 y 35; Jalisco, 45-47; y Yucatán, 50 y 51. Cabe destacar que el haplotipo 4, que comparten los individuos con manejo agrícola y los de las poblaciones silvestres, es el más frecuente de entre los 20 haplotipos de *S. purpurea* (Cuadro 2). Por esa razón, no se puede discernir si el linaje se domesticó en alguna de estas regiones y posteriormente se dispersó a las diferentes regiones, o si en cada uno de estos sitios tendríamos un centro de domesticación independiente.

El grupo 3 contiene siete haplotipos distribuidos en las poblaciones 10, 21, 26, 29, 30, 42 y 48 de las Provincias Costa del Pacífico (Centroamérica desde Nicaragua hasta Guatemala), Depresión del Balsas (Morelos) y Península de Yucatán (Campeche) (Figs. 1C, 6); 80% provienen de poblaciones con manejo agrícola y 20% de poblaciones silvestres (Fig. 1D). La región de Guatemala es la única en la que existen poblaciones silvestres y con manejo agrícola (29 y 30). Este resultado subraya nue-

vamente la importancia de la región de Guatemala como centro de domesticación de la ciruela mexicana (Miller y Schaal, 2005).

El grupo 4 contiene un haplotipo de la población 5 y el grupo 5, uno de la población 35 ambas de la Provincia de la Costa del Pacífico (Panamá y Guatemala, respectivamente); y ambos haplotipos con manejo agrícola (Figs. 1C, D, 7).

Centros de diversidad genética

En 12 de las 54 poblaciones se distribuyen solo especies de *S. mombim* var. *mombim*, *S. mombim* var. *globosa* y/o *S. radlkoferi*, por lo que éstas no fueron incluidas en el análisis de diversidad por poblaciones y los porcentajes de poblaciones con diferentes haplotipos hacen referencia solo a 44 poblaciones de *S. purpurea* (Cuadro 2). De estas 44 poblaciones, 69.05% presentan un haplotipo, 21.43% dos haplotipos, 4.76% tres haplotipos, 2.38% cuatro haplotipos y 2.38% cinco haplotipos de *S. purpurea*. Las poblaciones denominadas con los números 13 (Parque Nacional Palo Verde, Costa Rica), 30 (Amatitlán, Guatemala), 42 (Villa de Ayala, México) y 49 (Aguacate, Méxi-

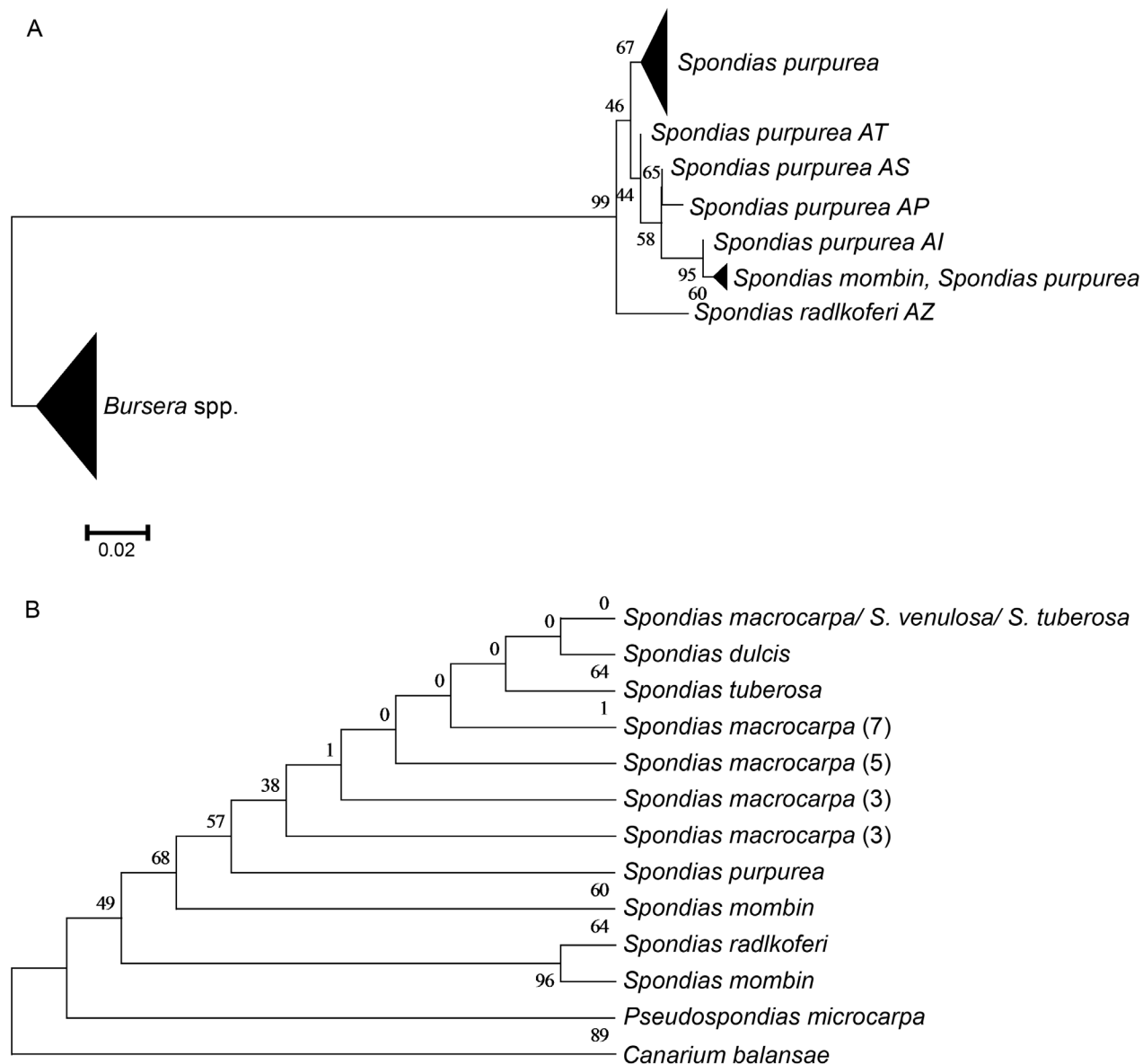


Figura 3: Reconstrucción filogenética (máxima verosimilitud) para: A. 99 secuencias del marcador de DNA nuclear fosfoenol piruvato carboxilasa para tres especies del género *Spondias* L. (Anacardiaceae; 51 secuencias, el par de letras finales en las ramas terminales que corresponden a *S. purpurea* son los haplotipos determinados por Miller (2008) y 19 especies de *Bursera* Jacq. ex L. (Burseraceae; 49 secuencias); B. región intergénica *trnA-trnH* de DNA de cloroplasto para siete especies del género *Spondias* L. (48 secuencias), *Pseudospondias microcarpa* (A. Rich.) Engl. (Anacardiaceae; 2 secuencias) y *Canarium balansae* Engl. (Burseraceae; 1 secuencia); Los valores para el bootstrap (1000 repeticiones) se presentan alrededor de los nodos.

co) son las que tienen tres o más haplotipos y en conjunto albergan ocho haplotipos únicos. Por lo tanto, deben ser consideradas en acciones de conservación como centros de diversidad genética de la ciruela mexicana.

Las poblaciones silvestres albergan la mayor diversidad genética, seguidas por las poblaciones con mane-

jo agrícola y silvícola (Cuadro 3). En conjunto los datos indican que las poblaciones silvestres tienen todavía una mayor diversidad genética que las que tienen manejo agrícola. En este sentido, es importante conservar las poblaciones 13 (Parque Nacional Palo Verde, Costa Rica), 30 (Amatitlán, Guatemala), 39 (Parque Nacional Cañón Su-

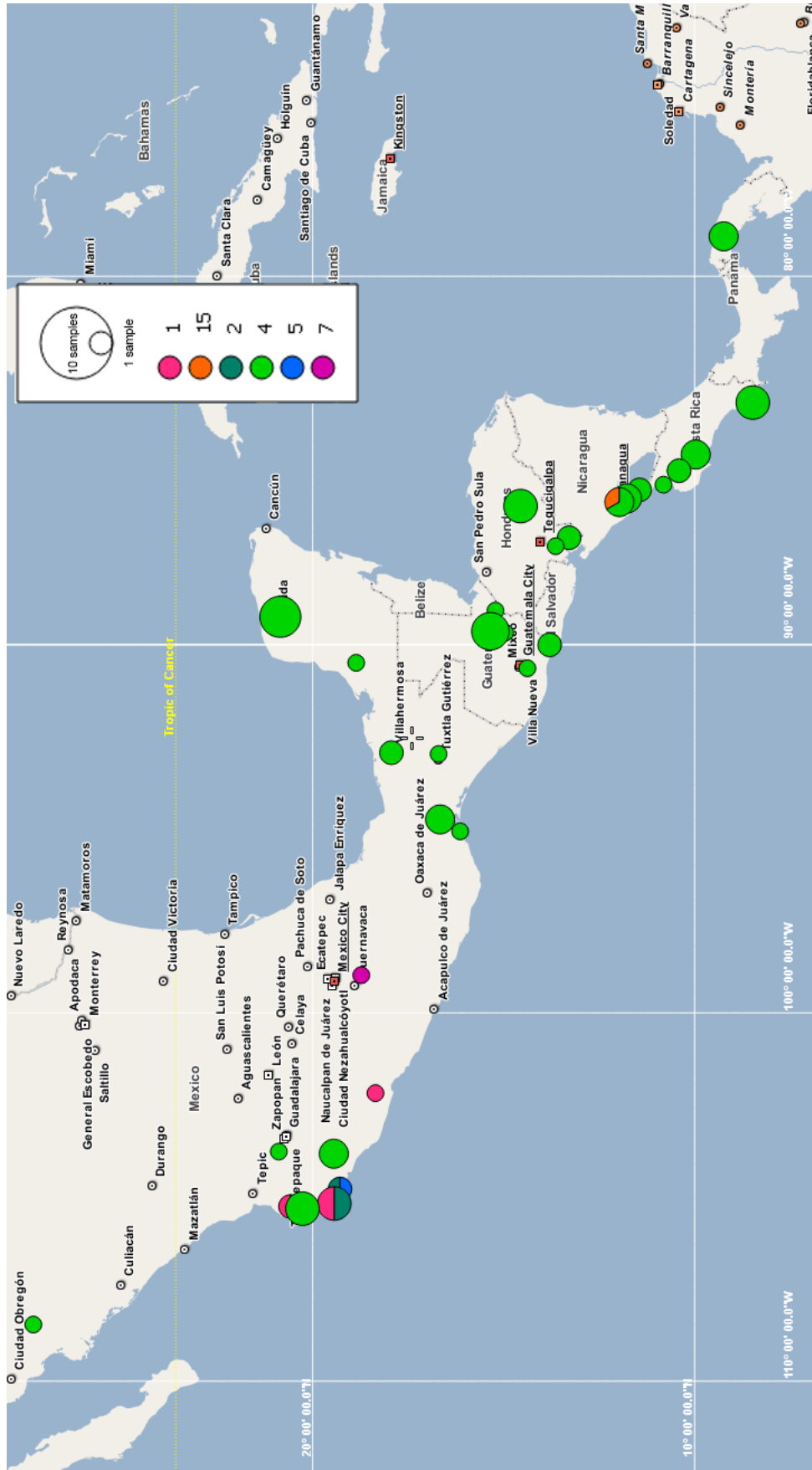


Figura 4: Distribución de haplotipos de *Spondias purpurea* L. incluidos en el grupo 2 del análisis de contingencia anidada de la red de haplotipos. El haplotipo 1 se repite en todos los paneles aunque pertenece al grupo 1.

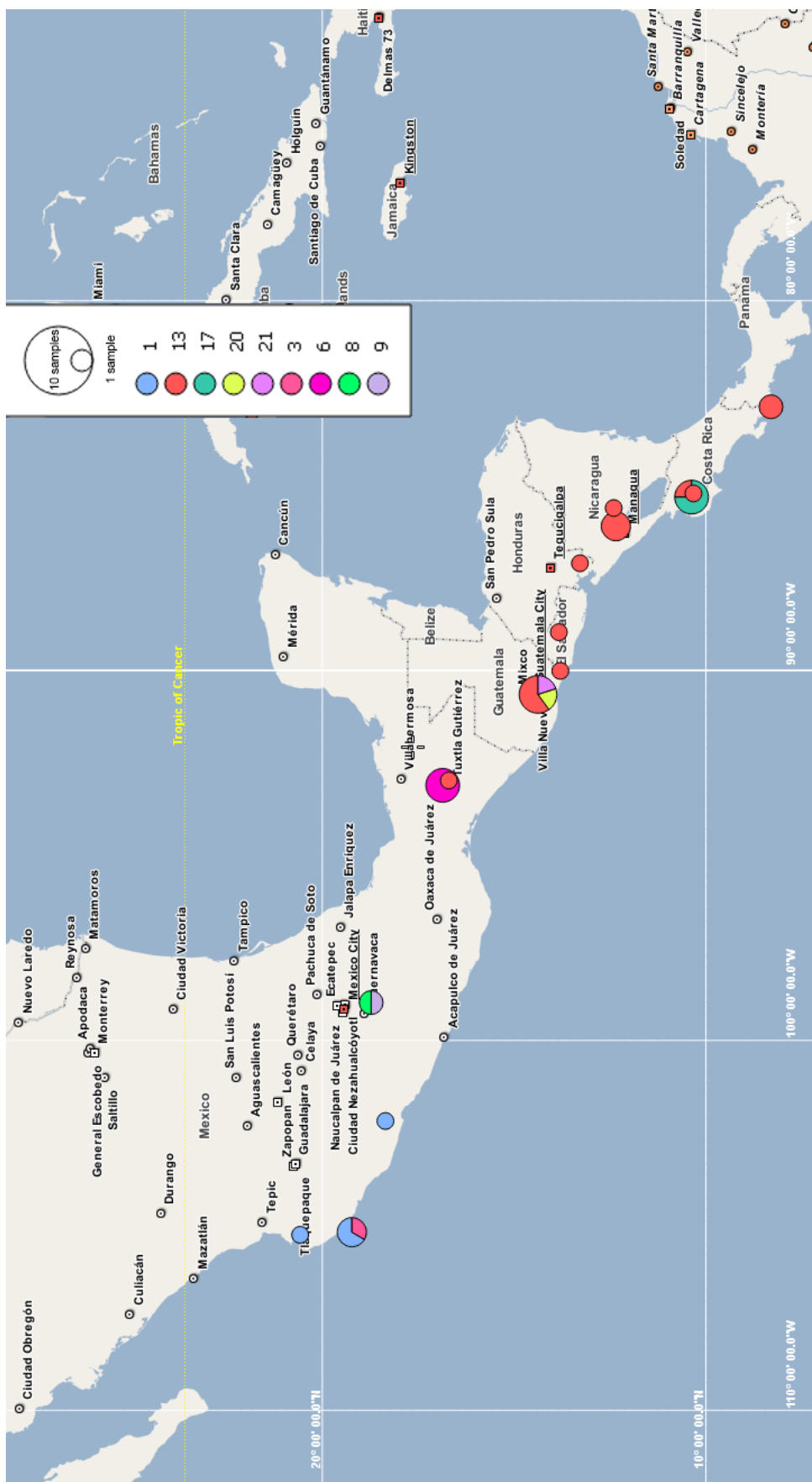


Figura 5: Distribución de haplotipos de *Spondias purpurea* L. incluidos en el grupo 1 del análisis de contingencia anidada de la red de haplotipos. El haplotipo 1 se repite en todos los paneles aunque pertenece al grupo 1.

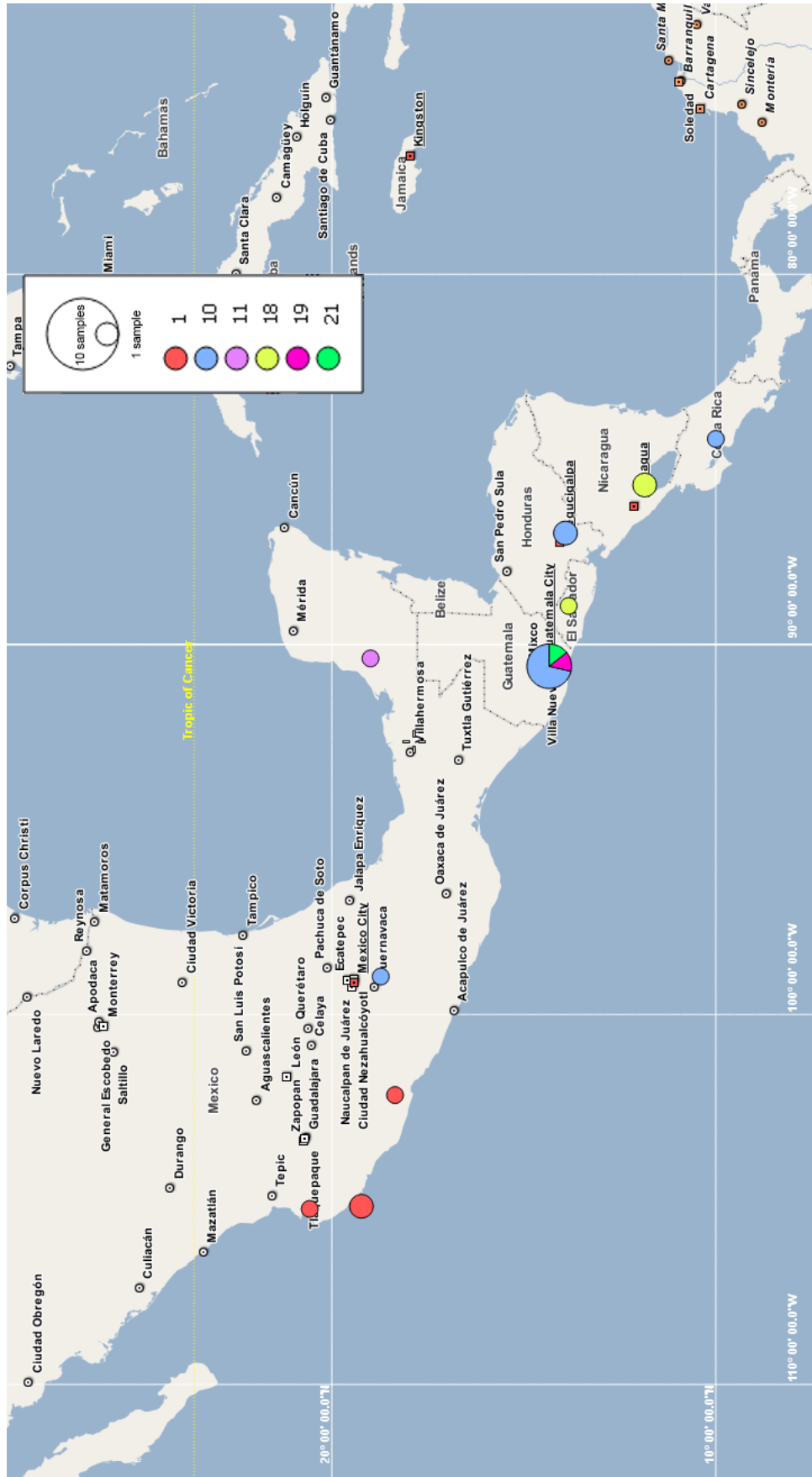


Figura 6: Distribución de haplotipos de *Spondias purpurea* L. incluidos en el grupo 3 del análisis de contingencia anidada de la red de haplotipos. El haplotipo 1 se repite en todos los paneles aunque pertenece al grupo 1.

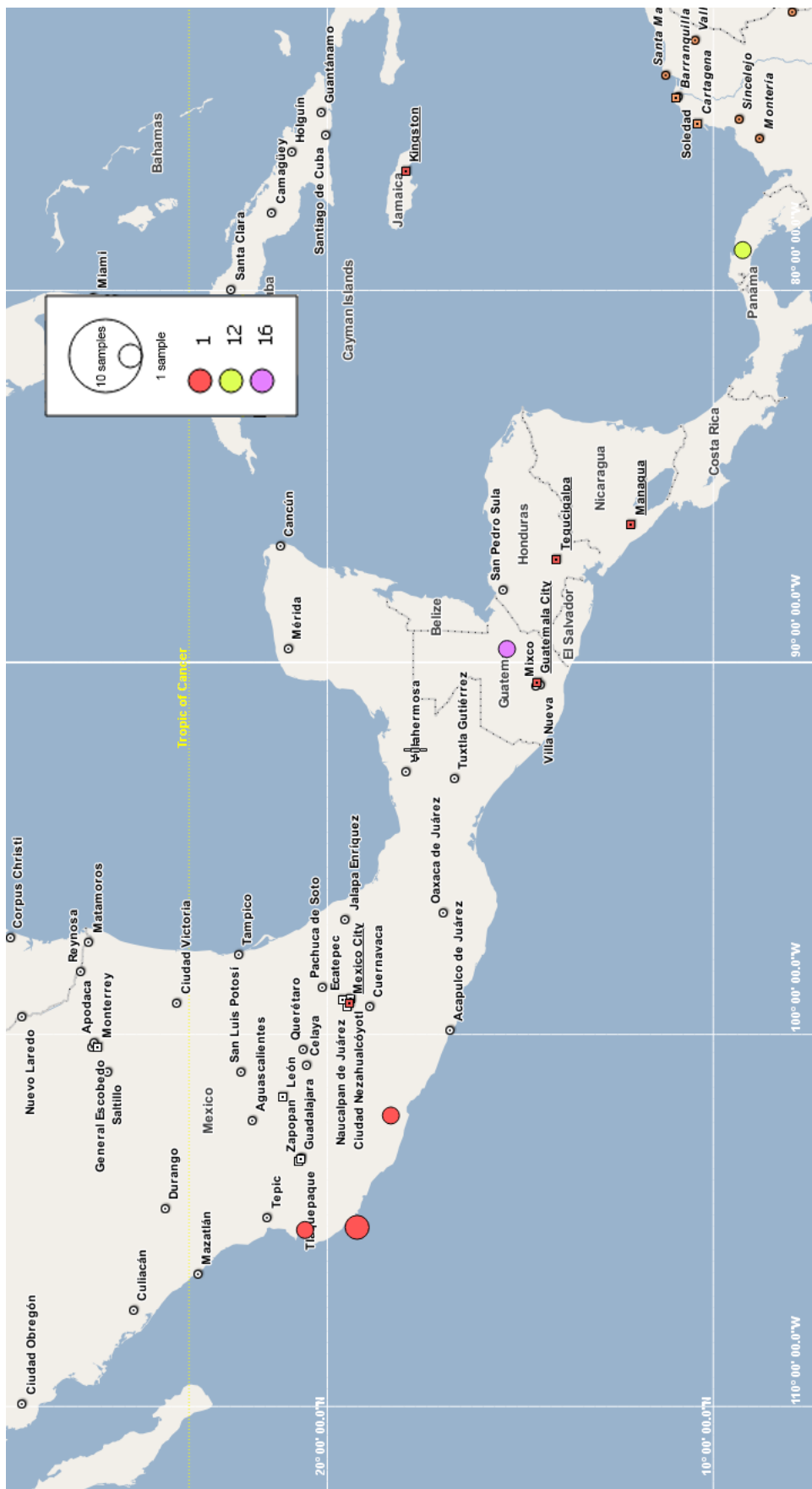


Figura 7: Distribución de haplotipos de *Spondias purpurea* L., incluidos en el grupo 4 y 5 del análisis de contingencia anidada de la red de haplotipos. El haplotipo 1 se repite en todos los paneles aunque pertenece al grupo 1.

Cuadro 3: Número de secuencias (Secuencias) y de haplotipos (Hapl.) analizados; y diversidad haplotídica (Hd) y nucleotídica (p) de las provincias biogeográficas y clasificadas de acuerdo a su estatus de manejo en la población. CP=Costa del Pacífico; EN=Eje Neovolcánico; DB=Depresión del Balsas; SMS=Sierra Madre del Sur; GM=Golfo de México; LA=Los Altos de Chiapas; PY=Península de Yucatán. S=silvestre; MS=Manejo silvícola; MA=Manejo agrícola.

	CP	EN	DB	SMS	GM	LA	PY	S	MS	MA
Secuencias	80	6	4	2	2	2	9	37	7	64
Hapl.	5	1	3	1	1	1	2	3	2	5
Hd	0.584	---	0.833	---	---	---	0.222	0.573	0.2857	0.471
p	0.002	---	0.003	---	---	---	0.001	0.001	0.0008	0.002

midero, México), 47 (La Manzanilla, México), 49 (Aguatec, México) y 53 (Otates y Cantaranas, México) en las que se encuentran los siete haplotipos característicos de poblaciones silvestres (2, 3, 6, 17, 20 y 21) (Cuadros 1, 2).

Se encontró también que las poblaciones con manejo agrícola que presentan haplotipos que ya no se encuentran en poblaciones silvestres fueron la 42 (Villa de Ayala, México) en la provincia de la Depresión del Balsas y la 48 (Tinúm, México) en la Península de Yucatán. En relación con este hallazgo cabe destacar a la población 42 en la que se observaron cuatro haplotipos que pertenecen además a tres de los cinco grupos identificados en el análisis de contingencia anidada (Cuadro 1, Fig. 1B). Los resultados sugieren que para ambas poblaciones existen linajes únicos en las poblaciones con manejo agrícola que derivan de otros que ya no se encuentran en su forma silvestre o que no han sido registrados en nuestro esfuerzo de muestreo ni en el de Miller y Schaal (2005) y Miller (2008). La conservación de estos haplotipos podría enfocarse a constituir bancos de germoplasma que alberguen representantes de *S. purpurea* de las diferentes poblaciones con características morfológicas distintivas, así como incentivar y promover el manejo de la especie en los solares o huertos para conservar a la especie *in circa situm*.

La provincia biogeográfica con una mayor diversidad de haplotipos y nucleotídica fue la Depresión del Balsas, seguida de la Costa del Pacífico y la Península de Yucatán. Las menos diversas fueron el Eje Neovolcánico, la Sierra Madre del Sur, el Golfo de México y Los Altos de Chiapas. Estas últimas contienen un solo haplo-

tipo (Cuadro 3). Aunque se espera que la estimación de la diversidad genética esté subestimada para las provincias biogeográficas por la falta de un muestreo sistemático en algunas de ellas, los estimadores que se obtuvieron en este trabajo nos sugieren que en varias provincias existe una mayor diversificación de esta especie que en otras.

Estos datos nos indican que la Depresión del Balsas debe considerarse como un sitio de diversidad genética de la ciruela donde enfocar los esfuerzos de mejoramiento de este árbol tropical como proponen Jamnadass et al. (2009); sin dejar a un lado los centros de diversidad genética del cultivo de la Costa del Pacífico (Jalisco-Nayarit y Michoacán) y el de la Península de Yucatán, con el objetivo de descentralizar los esfuerzos de conservación y mejoramiento genético que requieren los árboles tropicales (Jamnadass et al., 2009). Las estrategias de conservación *in situ* del germoplasma en los centros de domesticación pueden ser una táctica que permita un entendimiento del proceso de la domesticación y la diversificación de *S. purpurea*, así como un manejo integral de este recurso fitogenético. Se requiere realizar un muestreo más extenso, particularmente en las regiones aledañas a las poblaciones identificadas como centro de origen, domesticación y diversidad genética de la ciruela mexicana.

CONCLUSIONES

Los resultados de este estudio sugieren que en *S. purpurea* los linajes del grupo 2 y 3 son los que han sido introducidos con mayor frecuencia a los sistemas de cultivo, mientras



que los del grupo 1 han sido moderadamente cultivados, con la mayor parte de sus representantes en las poblaciones silvestres, por lo que representan un recurso fitogenético importante. La presencia de estos haplotipos en que se encuentran tanto individuos silvestres, como con manejo silvícola y agrícola, sugieren varios eventos de domesticación de linajes particulares, todos ellos ocurridos en dos provincias biogeográficas: 1) Eje Neovolcánico, en su región occidental, y 2) Costa del Pacífico, en las intersecciones de Jalisco-Nayarit-Michoacán y de Guatemala-Nicaragua.

El análisis filogeográfico de las especies del género *Spondias* sugiere que la historia de domesticación de esta especie es compleja, con un centro de origen en la región occidental de la provincia del Eje Neovolcánico y centros de domesticación en la provincia de la Costa del Pacífico (Jalisco-Nayarit-Michoacán y Guatemala-Nicaragua). Los centros de diversidad genética de *S. purpurea* son además de los centros de domesticación, la Depresión del Balsas y la Península de Yucatán.

CONTRIBUCIONES DE AUTORES

MMF y NFF concibieron y diseñaron el estudio. NFF realizó los análisis de laboratorio. Todos los autores contribuyeron a la adquisición de datos y su interpretación. MMF y NFF escribieron el manuscrito con la ayuda de MRM. Todos los autores contribuyeron a la discusión, revisión y aprobación del manuscrito final.

FINANCIAMIENTO

Este estudio fue apoyado por el Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas-Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y Agricultura, FRU-CIR 11-2/12, proyecto: Diversidad genética de *Spondias purpurea* L., a MRM y MMF, y por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología 306629 con una beca de maestría a NFF.

AGRADECIMIENTOS

A Marie-Stéphanie Samain y dos revisores anónimos por las sugerencias y comentarios que mejoraron la claridad y contenido del manuscrito. A Astrid Ramírez, Julia Ri-

vero, Alfonso Castillo, Mónica Pech y Edgar Balam por la ayuda en el trabajo de laboratorio y campo. A Margarita Aguilar Espinosa por el apoyo en la cuantificación del DNA. A la colección viva de *Spondias* spp. del Centro Regional Universitario de la Península de Yucatán-Universidad Autónoma Chapingo.

LITERATURA CITADA

- Andueza-Noh, R. H. 2012. Domesticación del acervo genético Mesoamericano del frijol lima (*Phaseolus lunatus* L.). Tesis de doctorado. Centro de Investigación Científica de Yucatán, AC. Mérida, México. 117 pp.
- Avice, J. C. 2000. Phylogeography: the history and formation of species. Harvard University Press. Cambridge, USA. 464 pp.
- Boege, E. 2009. Centros de origen, pueblos indígenas y diversificación del maíz. *Ciencias* 92-93: 18-28.
- Brody, J. R. y S. E. Kern. 2004. Sodium boric acid: a Tris-free, cooler conductive medium for DNA electrophoresis. *BioTechniques* 36(2): 214-216.
- Burger, J. C., M. A. Chapman y J. M. Burke. 2008. Molecular insights into the evolution of crop plants. *American Journal of Botany* 95(2): 113-122. DOI: <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.95.2.113>
- Byrne, M. y M. Hankinson. 2012. Testing the variability of chloroplast sequences for plant phylogeography. *Australian Journal of Botany* 60(7): 569-574. DOI: <http://dx.doi.org/10.1071/BT12146>
- Casas, A., A. Otero-Arnaiz, E. Pérez-Negrón y A. Valiente-Banuet. 2007. In situ management and domestication of plants in Mesoamerica. *Annals of Botany* 100(5): 1101-1115. DOI: <http://dx.doi.org/10.1093/aob/mcm126>
- Clement, M., D. Posada y K. Crandall. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* 9(10): 1657-1660. DOI: <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.01020.x>
- Croizat, L., G. Nelson y D. E. Rosen. 1974. Centers of origin and related concepts. *Systematic Zoology* 23(2): 265-287. DOI: <http://dx.doi.org/10.2307/2412139>
- De Nova, J. A., R. Medina, J. C. Montero, A. Weeks, J. A. Rosell, M. E. Olson, L. E. Eguiarte y S. Magallón. 2012. Insights into the historical construction of species-

- rich Mesoamerican seasonally dry tropical forests: the diversification of *Bursera* (Burseraceae, Sapindales). *New Phytologist* 193(1): 276-287. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-8137.2011.03909.x>
- Doebley, J. F., B. S. Gaut y B. D. Smith. 2006. The molecular genetics of crop domestication. *Cell* 127(7): 1309-1321. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2006.12.006>
- Engels, J. M. M., A. W. Ebert, I. Thormann y M. C. d. Vicente. 2006. Centres of crop diversity and/or origin, genetically modified crops and implications for plant genetic resources conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53(8): 1675-1688. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s10722-005-1215-y>
- Espinosa-Organista, D., S. O. Cruz y C. A. Zúñiga 2008. El conocimiento biogeográfico de las especies y su regionalización natural. In: Soberón, J., G. Halffter y J. Llorente-Bousquets (comps.). *Capital natural de México, Vol 1: Conocimiento actual de la biodiversidad*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D.F., México. Pp. 33-65.
- Falcón, L. I. y A. Valera 2007. Extracción de ácidos nucleicos. In: Eguiarte, L. E., V. Souza y X. Aguirre (comps.). *Ecología molecular*. Instituto Nacional de Ecología, Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. México, D.F., México. Pp. 499-516.
- Genbank. 2015. National Center for Biotechnology Information <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (consultado enero de 2015).
- Gross, B. L. y K. M. Olsen. 2010. Genetic perspectives on crop domestication. *Trends in Plant Science* 15(9): 529-537. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2010.05.008>
- Harlan, J. 1971. Agricultural origins: centers and non centers. *Science* 174(4008): 468-474.
- Hernández-Verdugo, S., A. González-Rodríguez, P. Sánchez-Peña, A. Casas y K. Oyama. 2006. Estructura y diferenciación genética de poblaciones silvestres y domesticadas de chile del Noroeste de México analizada con isoenzimas y RAPDs. *Revista Fitotecnia Mexicana* 29(2): 25-29.
- Hernández-Xolocotzi, E. 1998. Aspectos de la domesticación de plantas en México: una apreciación personal. In: Ramamoorthy, T. P., R. Bye, A. Lot y J. Fa (comps.). *Diversidad Biológica de México*. Instituto de Biología, Universidad Autónoma de México. México, D.F., México. Pp. 715-735.
- Jamnadas, R., A. Lowe e I. Dawson. 2009. Molecular markers and the management of tropical trees: the case of indigenous fruits. *Tropical Plant Biology* 2(1): 1-12. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s12042-008-9027-9>
- Kress, W. J., D. L. Erickson, F. A. Jones, N. G. Swenson, R. Perez, O. Sanjur y E. Bermingham. 2009. Plant DNA barcodes and a community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106(44): 18621-18626. DOI: <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.0909820106>
- Librado, P. y J. Rozas. 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25(11): 1451-1452.
- Machado, M. C., P. C. L. d. Carvalho y C. v. d. Berg. 2015. Domestication, hybridization, speciation, and the origins of an economically important tree crop of *Spondias* (Anacardiaceae) from the Brazilian Caatinga dry forest. *Neodiversity* 8(1): 8-49. DOI: <http://dx.doi.org/10.13102/neod.81.2>
- Miller, A. J. 2008. Characterization of a domesticated tree lineage (*Spondias purpurea*, Anacardiaceae) based on nuclear and chloroplast sequence data. *Journal of the Torrey Botanical Society* 135(4): 463-474.
- Miller, A. J. y J. H. Knouft. 2006. GIS-based characterization of the geographic distributions of wild and cultivated populations of the mesoamerican fruit tree *Spondias purpurea* (Anacardiaceae). *American Journal of Botany* 93(12): 1757-1767. DOI: <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.93.12.1757>
- Miller, A. J. y B. A. Schaal. 2005. Domestication of a Mesoamerican cultivated fruit tree, *Spondias purpurea*. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102(36): 12801-12806. DOI: <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.0505447102>
- Miller, A. J. y B. A. Schaal. 2006. Domestication and the distribution of genetic variation in wild and cultivated populations of the Mesoamerican fruit tree *Spondias purpurea* L. (Anacardiaceae). *Molecular Ecology* 15(6): 1467-1480. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.02834.x>



- Nei, M. y S. Kumar 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, Inc. Oxford, UK. Pp. 250-259.
- Nybom, H., K. Weising y B. Rotter. 2014. DNA fingerprinting in botany: past, present, future. *Investigative Genetics* 5(1): 1-1. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/2041-2223-5-1>
- Otero-Arnaiz, A., A. Casas, C. Bartolo, E. Pérez-Negrón y A. Valiente-Banuet. 2003. Evolution of *Polaskia chichipe* (Cactaceae) under domestication in the Tehuacán Valley, central Mexico: reproductive biology. *American Journal of Botany* 90(4): 593-602. DOI: <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.90.4.593>
- Parmentier, I., J. Duminil, M. Kuzmina, M. Philippe, D. W. Thomas, D. Kenfack, G. B. Chuyong, C. Cruaud y O. J. Hardy. 2013. How effective are DNA barcodes in the identification of African rainforest trees? *PLOS ONE* 8(4): e54921. DOI: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0054921>
- Parra, F., J. J. Blancas y A. Casas. 2012. Landscape management and domestication of *Stenocereus pruinosus* (Cactaceae) in the Tehuacán Valley: human guided selection and gene flow. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine* 8: 32. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/1746-4269-8-32>
- Perales-Rivera, H. R. y J. R. Aguirre-Rivera 2008. Biodiversidad humanizada. In: Soberón, J., G. Halffter y J. Llorente-Bousquets (comps.). *Capital natural de México*, Vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D.F., México. Pp. 565-603.
- Piperno, D. R. 2011. The origins of plant cultivation and domestication in the New World tropics. *Patterns, process, and new developments*. *Current Anthropology* 52(S4): S453-S470.
- PopART. 2014. Population Analysis with Reticulate Trees v. 1.0. <http://popart.otago.ac.nz>.
- Ruenes-Morales, M. de R., A. Casas, J. J. Jiménez-Osornio y J. Caballero. 2010. Etnobotánica de *Spondias purpurea* L. (Anacardiaceae) en la Península de Yucatán. *Interciencia* 35(4): 247-253.
- Schaal, B. A., D. A. Hayworth, K. M. Olsen, J. T. Rauscher y W. A. Smith. 1998. Phylogeographic studies in plants: problems and prospects. *Molecular Ecology* 7(4): 465-474. DOI: <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-294x.1998.00318.x>
- Schaal, B. A. y K. M. Olsen. 2000. Gene genealogies and population variation in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 97(13): 7024-7029. DOI: <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.97.13.7024>
- Shaw, J., E. B. Lickey, E. E. Schilling y R. L. Small. 2007. Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: The tortoise and the hare III *American Journal of Botany* 94(3): 275-288. DOI: <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.94.3.275>
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei y S. Kumar. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28(10): 2731-2739. DOI: <http://dx.doi.org/10.1093/molbev/msr121>
- Templeton, A. R. y C. F. Singt. 1993. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping. IV. Nested analyses with cladogram uncertainty and recombination. *Genetics* 134(2): 659-669.
- TROPICOS. 2015. Tropicos.org. Missouri Botanical Garden. <http://www.tropicos.org> (consultado enero de 2015).
- Vavilov, N. I. 1951. Estudios sobre el origen de las plantas cultivadas. Traducción del trabajo aparecido en *Bulletin of Applied Botany and Plant Breeding* XVI (2), Leningrado, 1926. ACME Agency, Soc. de Resp. Ltda. Buenos Aires, Argentina. Pp. 1-126.
- Weeks, A. 2009. Evolution of the pili nut genus (*Canarium* L., Burseraceae) and its cultivated species. *Genetic Resources and Crop Evolution* 56(6): 765-781. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s10722-008-9400-4>
- Weeks, A. y B. B. Simpson. 2004. Molecular genetic evidence for interspecific hybridization among endemic Hispaniolan *Bursera* (Burseraceae). *American Journal of Botany* 91(6): 976-984. DOI: <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.91.6.976>
- Zeder, M. A., E. Emshwiller, B. D. Smith y D. G. Bradley. 2006. Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *Trends in Genetics* 22(3): 139-155. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tig.2006.01.007>

Apéndice 1. Secuencias empleadas en el análisis de red de haplotipos por país (Centroamérica) o estado (México) y provincia biogeográfica en Mesoamérica. La latitud y longitud indican la localidad en que fueron colectadas y la población en que se agruparon, junto con su estatus en la población (S=poblaciones silvestres, MA=manejo agrícola y MS=manejo silvícola). El número de accesión de Genbank e información del voucher (colector, número o clave de colecta, herbario o colección de referencia) del que se obtuvieron las secuencias del trabajo de Miller y Schaal (2005) (DQ163958-D164958), y en este trabajo (KY436830- KY436895) se presentan en las últimas dos columnas; mientras que en la de individuo/ espécimen se presenta el nombre de la secuencia registrada en Genbank. En UADY, colección de estacas *Spondias*, en CRUPY, colección de germoplasma de *Spondias*.

Individuo/especimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
260c_hapZ	Panamá	Costa del Pacífico	08°15'45.6"N	82°52'04.4"O	1 MA	DQ164032	<i>A. Miller 260c</i> (MO)
260d_hapZ	Panamá	Costa del Pacífico	08°15'45.6"N	82°52'04.4"O	1 MA	DQ164033	<i>A. Miller 260d</i> (MO)
219e_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'25.4"N	83°25'48.9"O	2 MA	DQ164073	<i>A. Miller 219e</i> (MO)
219f_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'25.4"N	83°25'48.9"O	2 MA	DQ164074	<i>A. Miller 219f</i> (MO)
219g_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'25.4"N	83°25'48.9"O	2 MA	DQ164075	<i>A. Miller 219g</i> (MO)
219h_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'25.4"N	83°25'48.9"O	2 MA	DQ164076	<i>A. Miller 219h</i> (MO)
216b_G	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'24"N	83°33'36"O	3 MS	DQ163963	<i>A. Miller 216b</i> (MO)
216c_hapG	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'24"N	83°33'36"O	3 MS	DQ163964	<i>A. Miller 216c</i> (MO)
216e_G	Costa Rica	Costa del Pacífico	08°26'24"N	83°33'36"O	3 MS	DQ163965	<i>A. Miller 216e</i> (MO)
240_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	08°33'41"N	79°57'02"O	4 S	DQ163981	<i>A. Miller 240</i> (MO)
228a_hapI	Panamá	Costa del Pacífico	09°09'52"N	79°49'17"O	6 S	DQ163971	<i>A. Miller 228a</i> (MO)
228h_2_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°09'52"N	79°49'17"O	6 S	DQ163972	<i>A. Miller 228h</i> (MO)
228i_1_hapJ	Panamá	Costa del Pacífico	09°09'52"N	79°49'17"O	6 S	DQ163973	<i>A. Miller 228i</i> (MO)
228b_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°09'52"N	79°49'17"O	6 S	DQ163974	<i>A. Miller 228b</i> (MO)
235e_hapK	Panamá	Costa del Pacífico	09°10'31"N	78°47'01"O	7 S	DQ163980	<i>A. Miller 235e</i> (MO)
227a_hapU	Panamá	Costa del Pacífico	09°10'N	79°50'0"O	7 S	DQ164002	<i>A. Miller 227a</i> (MO)
227c_hapU	Panamá	Costa del Pacífico	09°10'N	79°50'0"O	7 S	DQ164003	<i>A. Miller 227c</i> (MO)
227b_hapU	Panamá	Costa del Pacífico	09°10'N	79°50'0"O	7 S	DQ164004	<i>A. Miller 227b</i> (MO)
236a_hapAC	Panamá	Costa del Pacífico	09°13'13.2"N	78°55'03.6"O	5 MA	DQ164077	<i>A. Miller 236a</i> (MO)
236c_hapAC	Panamá	Costa del Pacífico	09°13'13.2"N	78°55'03.6"O	5 MA	DQ164078	<i>A. Miller 236c</i> (MO)
236e_hapAC	Panamá	Costa del Pacífico	09°13'13.2"N	78°55'03.6"O	5 MA	DQ164079	<i>A. Miller 236e</i> (MO)
236f_hapAC	Panamá	Costa del Pacífico	09°13'13.2"N	78°55'03.6"O	5 MA	DQ164080	<i>A. Miller 236f</i> (MO)
231a_1_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°14'56"N	78°57'02"O	8 MS	DQ163975	<i>A. Miller 231a</i> (MO)
231b_1_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°14'56"N	78°57'02"O	8 MS	DQ163976	<i>A. Miller 231b</i> (MO)
231c_1_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°14'56"N	78°57'02"O	8 MS	DQ163977	<i>A. Miller 231c</i> (MO)
231d_1_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°14'56"N	78°57'02"O	8 MS	DQ163978	<i>A. Miller 231d</i> (MO)
231e_1_hapG	Panamá	Costa del Pacífico	09°14'56"N	78°57'02"O	8 MS	DQ163979	<i>A. Miller 231e</i> (MO)
201b_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	09°58'12"N	84°50'24"O	9 MA	DQ164070	<i>A. Miller 201b</i> (MO)
201d_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	09°58'12"N	84°50'24"O	9 MA	DQ164071	<i>A. Miller 201d</i> (MO)
201f_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	09°58'12"N	84°50'24"O	9 MA	DQ164072	<i>A. Miller 201f</i> (MO)
79_hapS	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°00'N	84°27'0"O	10 MS	DQ164001	<i>A. Miller 79</i> (MO)



Apéndice 1. Continuación.

Individuo/especimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
203d_hapG	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°06'36"N	85°21'00"O	11 MS	DQ163959	<i>A. Miller 203d</i> (MO)
203f_hapH	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°06'36"N	85°21'00"O	11 MS	DQ163960	<i>A. Miller 203f</i> (MO)
203h_hapG	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°06'36"N	85°21'00"O	11 MS	DQ163961	<i>A. Miller 203h</i> (MO)
203e_G	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°06'36"N	85°21'00"O	11 MS	DQ163962	<i>A. Miller 203e</i> (MO)
50_hapG	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°19'48"N	85°12'36"O	12 S	DQ163967	<i>A. Miller 50</i> (MO)
49_hapZ	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°19'48"N	85°12'36"O	12 S	DQ164025	<i>A. Miller 49</i> (MO)
43_hapAA	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°22'48"N	85°18'36"O	13 S	DQ164022	<i>A. Miller 43</i> (MO)
41_hap	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°22'48"N	85°18'36"O	13 S	DQ164023	<i>A. Miller 41</i> (MO)
45_hapZ	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°22'48"N	85°18'36"O	13 S	DQ164024	<i>A. Miller 45</i> (MO)
44_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°22'48"N	85°18'36"O	13 S	DQ164039	<i>A. Miller 44</i> (MO)
56_hapAA	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°22'48"N	85°18'36"O	13 S	DQ164026	<i>A. Miller 56</i> (MO)
88b_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°27'00"N	85°15'00"O	14 S	DQ164048	<i>A. Miller 88b</i> (MO)
82b_hapG	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°49'48"N	85°39'36"O	15 S	DQ163968	<i>A. Miller 82b</i> (MO)
82c_hapG	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°49'48"N	85°39'36"O	15 S	DQ163970	<i>A. Miller 82c</i> (MO)
82a_hapAC	Costa Rica	Costa del Pacífico	10°49'48"N	85°39'36"O	15 S	DQ164046	<i>A. Miller 82a</i> (MO)
76g_hapR	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°19'40"N	85°47'10"O	17 MS	DQ164000	<i>A. Miller 76g</i> (MO)
74d_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°28'N	85°48'0"O	18 MA	DQ164044	<i>A. Miller 74d</i> (MO)
74e_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°28'N	85°48'0"O	18 MA	DQ164045	<i>A. Miller 74e</i> (MO)
73a_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°48'N	86°02'0"O	19 MS	DQ164041	<i>A. Miller 73a</i> (MO)
73b_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°48'N	86°02'0"O	19 MS	DQ164042	<i>A. Miller 73b</i> (MO)
73c_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°48'N	86°02'0"O	19 MS	DQ164043	<i>A. Miller 73c</i> (MO)
178a_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°59'45.2"N	86°07'21.6"O	16 MA	DQ164066	<i>A. Miller 178a</i> (MO)
178e_hapAD	Nicaragua	Costa del Pacífico	11°59'45.2"N	86°07'21.6"O	16 MA	DQ164067	<i>A. Miller 178e</i> (MO)
180_hapAC	Nicaragua	Costa del Pacífico	12°01'09"N	86°08'53"O	22 MS	DQ164069	<i>A. Miller 180</i> (MO)
182b_hapZ	Nicaragua	Costa del Pacífico	12°23'07.5"N	86°05'47.5"O	20 S	DQ164021	<i>A. Miller 182b</i> (MO)
182a_hapZ	Nicaragua	Costa del Pacífico	12°23'07.5"N	86°05'47.5"O	20 S	DQ164030	<i>A. Miller 182a</i> (MO)
182f_hapZ	Nicaragua	Costa del Pacífico	12°23'07.5"N	86°05'47.5"O	20 S	DQ164031	<i>A. Miller 182f</i> (MO)
187c_hapR	Nicaragua	Costa del Pacífico	12°26'36.3"N	85°36'19.9"O	21 MA	DQ164016	<i>A. Miller 187c</i> (MO)
186_hapG	Nicaragua	Costa del Pacífico	12°26'32"N	85°40'55"O	23 S	DQ163958	<i>A. Miller 186</i> (MO)
174b_hapZ	Honduras	Costa del Pacífico	13°19'59"N	87°05'59"O	27 MA	DQ164029	<i>A. Miller 174b</i> (MO)
174a_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	13°19'59"N	87°05'59"O	27 MA	DQ164064	<i>A. Miller 174a</i> (MO)
174c_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	13°19'59"N	87°05'59"O	27 MA	DQ164065	<i>A. Miller 174c</i> (MO)
168a_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	13°41'21.8"N	87°19'48.5"O	24 MA	DQ164063	<i>A. Miller 168a</i> (MO)
145f_hapZ	El Salvador	Costa del Pacífico	13°50'52"N	90°00'31"O	28 MS	DQ164028	<i>A. Miller 145f</i> (MO)
145a_hapAC	El Salvador	Costa del Pacífico	13°50'52"N	90°00'31"O	28 MS	DQ164057	<i>A. Miller 145a</i> (MO)
145h_hapAC	El Salvador	Costa del Pacífico	13°50'52"N	90°00'31"O	28 MS	DQ164058	<i>A. Miller 145h</i> (MO)

Apéndice 1. Continuación.

Individuo/especimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
133f_hapR	El Salvador	Costa del Pacífico	13°53'13.1"N	88°57'43"O	25 S	DQ164015	<i>A. Miller 133f</i> (MO)
133e_hapZ	El Salvador	Costa del Pacífico	13°53'13.1"N	88°57'43"O	25 S	DQ164027	<i>A. Miller 133e</i> (MO)
149j_hapQ	Honduras	Costa del Pacífico	13°58'10.92"N	86°59'38.2"O	26 MA	DQ163999	<i>A. Miller 149j</i> (MO)
149d_hapV	Honduras	Costa del Pacífico	13°58'10.92"N	86°59'38.2"O	26 MA	DQ164012	<i>A. Miller 149d</i> (MO)
149e_hapV	Honduras	Costa del Pacífico	13°58'10.92"N	86°59'38.2"O	26 MA	DQ164013	<i>A. Miller 149e</i> (MO)
109b_hapW	Guatemala	Costa del Pacífico	14°21'24.5"N	90°32'19.9"O	29 MA	DQ164005	<i>A. Miller 109b</i> (MO)
109a_hapV	Guatemala	Costa del Pacífico	14°21'24.5"N	90°32'19.9"O	29 MA	DQ164006	<i>A. Miller 109a</i> (MO)
109c_hapV	Guatemala	Costa del Pacífico	14°21'24.5"N	90°32'19.9"O	29 MA	DQ164007	<i>A. Miller 109c</i> (MO)
109d_hapV	Guatemala	Costa del Pacífico	14°21'24.5"N	90°32'19.9"O	29 MA	DQ164008	<i>A. Miller 109d</i> (MO)
109e_hapV	Guatemala	Costa del Pacífico	14°21'24.5"N	90°32'19.9"O	29 MA	DQ164009	<i>A. Miller 109e</i> (MO)
109f_hapV	Guatemala	Costa del Pacífico	14°21'24.5"N	90°32'19.9"O	29 MA	DQ164010	<i>A. Miller 109f</i> (MO)
111h_hapV	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164011	<i>A. Miller 111h</i> (MO)
111f_hapX	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164014	<i>A. Miller 111f</i> (MO)
111b_hapR	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164017	<i>A. Miller 111b</i> (MO)
111d_hapY	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164018	<i>A. Miller 111d</i> (MO)
111c_hapR	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164019	<i>A. Miller 111c</i> (MO)
111e_hapZ	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164020	<i>A. Miller 111e</i> (MO)
111g_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	14°25'59"N	90°38'40.3"O	30 S	DQ164049	<i>A. Miller 111g</i> (MO)
161b_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	14°36'48.4"N	86°14'28.1"O	31 MA	DQ164059	<i>A. Miller 161b</i> (MO)
161d_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	14°36'48.4"N	86°14'28.1"O	31 MA	DQ164060	<i>A. Miller 161d</i> (MO)
161f_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	14°36'48.4"N	86°14'28.1"O	31 MA	DQ164061	<i>A. Miller 161f</i> (MO)
161h_hapAC	Honduras	Costa del Pacífico	14°36'48.4"N	86°14'28.1"O	31 MA	DQ164062	<i>A. Miller 161h</i> (MO)
158a_hapG	Honduras	Costa del Pacífico	14°52'28"N	85°53'59"O	32 S	DQ163969	<i>A. Miller 158a</i> (MO)
119a1_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°01'02.2"N	89°40'45.1"O	33 MA	DQ164050	<i>A. Miller 119a1</i> (MO)
120a_hapG	Guatemala	Costa del Pacífico	15°16'13"N	89°04'42"O	34 MA	DQ163966	<i>A. Miller 120a</i> (MO)
121a_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°16'13"N	89°04'42"O	34 MA	DQ164051	<i>A. Miller 121a</i> (MO)
129c_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°24'14"N	89°38'19.6"O	35 MA	DQ164052	<i>A. Miller 129c</i> (MO)
129d_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°24'14"N	89°38'19.6"O	35 MA	DQ164053	<i>A. Miller 129d</i> (MO)
129e_1_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°24'14"N	89°38'19.6"O	35 MA	DQ164054	<i>A. Miller 129e_1</i> (MO)
129f_hapAE	Guatemala	Costa del Pacífico	15°24'14"N	89°38'19.6"O	35 MA	DQ164055	<i>A. Miller 129f</i> (MO)
129g_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°24'14"N	89°38'19.6"O	35 MA	DQ164056	<i>A. Miller 129g</i> (MO)
129h_hapAC	Guatemala	Costa del Pacífico	15°24'14"N	89°38'19.6"O	35 MA	DQ164068	<i>A. Miller 129h</i> (MO)
330h_hapAC	Oaxaca	Costa del Pacífico	16°11'34.8"N	95°04'22.1"O	36MA	DQ164096	<i>A. Miller 330h</i> (MO)
319a_hapAC	Oaxaca	Sierra Madre del Sur	16°42'52.0"N	94°44'53.1"O	37 MA	DQ164093	<i>A. Miller 319a</i> (MO)
319b_hapAC	Oaxaca	Sierra Madre del Sur	16°42'52.0"N	94°44'53.1"O	37 MA	DQ164094	<i>A. Miller 319b</i> (MO)
319c_hapAC	Oaxaca	Sierra Madre del Sur	16°42'52.0"N	94°44'53.1"O	37 MA	DQ164095	<i>A. Miller 319c</i> (MO)



Apéndice 1. Continuación.

Individuo/espécimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
321_hapG	Oaxaca	Sierra Madre del Sur	16°42'52"N	94°44'53"O	37 S	DQ163983	<i>A. Miller 321</i> (MO)
326g_hapZ	Chiapas	Los Altos de Chiapas	16°45'16.4"N	92°58'18.3"O	38 S	DQ164037	<i>A. Miller 326g</i> (MO)
326a_hapAC	Chiapas	Los Altos de Chiapas	16°45'16.4"N	92°58'18.3"O	38 S	DQ164081	<i>A. Miller 326a</i> (MO)
325c_hapAB	Chiapas	Los Altos de Chiapas	16°54'47.2"N	93°06'10.6"O	39 S	DQ164035	<i>A. Miller 325c</i> (MO)
325b_hapAB	Chiapas	Los Altos de Chiapas	16°54'47.2"N	93°06'10.6"O	39 S	DQ164034	<i>A. Miller 325b</i> (MO)
325d_hapAB	Chiapas	Los Altos de Chiapas	16°54'47.2"N	93°06'10.6"O	39 S	DQ164036	<i>A. Miller 325d</i> (MO)
Tabasco Poblana	Tabasco	Golfo de México	17°58'34.67"N	92°56'9.52"O	40 MA	KY436863	<i>N. Fortuny</i> , Villa Hermosa 1, UADY
Tabasco Criolla	Tabasco	Golfo de México	17°58'34.67"N	92°56'9.52"O	40 MA	KY436864	<i>N. Fortuny</i> , Villa Hermosa 2, UADY
303A_hapO	Michoacán	Eje Neovolcánico	18°23'15.7"N	102°10'44.9"O	41 S	DQ163993	<i>A. Miller 303A</i> (MO)
Mansa Mich 1	Michoacán	Eje Neovolcánico	18°23'15.7"N	102°10'44.9"O	41 S	KY436843	Mich 1, CRUPY
311_hapG	Veracruz	Golfo de México	18°37'12"N	96°24'36"O	43 S	DQ163982	<i>A. Miller 311</i> (MO)
Tepal Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°38'51.24"N	98°57'38.85"O	42 MA	KY436855	Tepalcingo 1, CRUPY
Huautleca Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°38'51.24"N	98°57'38.85"O	42 MA	KY436856	Tepalcingo 2, CRUPY
Ticumán Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°38'51.24"N	98°57'38.85"O	42 MA	KY436857	Tepalcingo 3, CRUPY
Colorada Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°38'51.24"N	98°57'38.85"O	42 MA	KY436858	Tepalcingo 5, CRUPY
Cuernavaca Hoil 4 Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°38'51.24"N	98°57'38.85"O	42 MA	KY436859	Tepalcingo 4, CRUPY
Cuernavaca agria Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'10.42"N	98°58'36.1"O	42 MA	KY436853	Cuernavaca Hoil 4 Mor, CRUPY
Macho Mor	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'10.42"N	98°58'36.1"O	42 MA	KY436854	Tepalcingo macho, CRUPY
Morelos Cerro 1	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436844	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 1, UADY
Morelos Cerro 2	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436845	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 2, UADY
Morelos Cerro 3	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436846	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 3, UADY
Morelos Cerro 4	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436847	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 4, UADY
Morelos Amarilla	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436848	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 5, UADY
Morelos Temporal	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436849	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 6, UADY
Morelos Roja 1	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436850	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 7, UADY
Morelos Roja 2	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	43 MA	KY436851	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 8, UADY
Morelos Cuernavaqueña	Morelos	Depresión del Balsas	18°45'8.34"N	98°58'47.34"O	42 MA	KY436852	<i>M. Ferrer</i> , San Antonio 9, UADY
Campeche Campechabal 4	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436830	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 1, UADY

Apéndice 1. Continuación.

Individuo/especimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
Campeche abal 5	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436831	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 2, UADY
Campeche abal 7	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436832	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 3, UADY
Campeche abal 1	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436833	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 4, UADY
Campeche abal 2	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436834	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 5, UADY
Campeche abal 1	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436835	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 6, UADY
Campeche abal 2	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436836	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 7, UADY
Campeche Tenosique	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436837	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 8, UADY
Campeche verde Juntura	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436838	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 9, UADY
Campeche Tuxpeña	Campeche	Península de Yucatán	18°53'61"N	89°89'47"O	44 MA	KY436839	<i>R. Ruenes</i> , Calakmul 10, UADY
291a_hapP	Jalisco	Eje Neovolcánico	19°17'53.1"N	104°46'54.3"O	45 MA	DQ163998	<i>A. Miller 291a</i> (MO)
291b_hapAF	Jalisco	Eje Neovolcánico	19°17'53.1"N	104°46'54.3"O	45 MA	DQ164040	<i>A. Miller 290b</i> (MO)
298h_hapAC	Jalisco	Eje Neovolcánico	19°27'26.9"N	103°49'24.7"O	46 MA	DQ164092	<i>A. Miller 298h</i> (MO)
298c_hapAC	Jalisco	Eje Neovolcánico	19°27'26.9"N	103°49'24.7"O	46 MA	DQ164038	<i>A. Miller 298c</i> (MO)
298d_hapAC	Jalisco	Eje Neovolcánico	19°27'26.9"N	103°49'24.7"O	46 MA	DQ164091	<i>A. Miller 298d</i> (MO)
290e_hapP	Jalisco	Costa del Pacífico	19°38'23.2"N	105°10'04.7"O	47 S	DQ163996	<i>A. Miller 290e</i> (MO)
290a_hapP	Jalisco	Costa del Pacífico	19°38'23.2"N	105°10'04.7"O	47 S	DQ163997	<i>A. Miller 290a</i> (MO)
Campeche Tuspana	Campeche	Península de Yucatán	19°58'33.67"N	90°13'40.62"O	48 MA	KY436840	<i>R. Ruenes</i> , Tinun, UADY
288c_hapAC	Jalisco	Costa del Pacífico	20°15'26.7"N	105°18'55.6"O	49 S	DQ164088	<i>A. Miller 288c</i> (MO)
288h_hapAC	Jalisco	Costa del Pacífico	20°15'26.7"N	105°18'55.6"O	49 S	DQ164090	<i>A. Miller 288h</i> (MO)
288a_hapAC	Jalisco	Costa del Pacífico	20°15'26.7"N	105°18'55.6"O	49 S	DQ164087	<i>A. Miller 288a</i> (MO)
288f_hapAC	Jalisco	Costa del Pacífico	20°15'26.7"N	105°18'55.6"O	49 S	DQ164089	<i>A. Miller 288f</i> (MO)
287a_hapO	Jalisco	Costa del Pacífico	20°33'38.1"N	105°15'20.2"O	49 S	DQ163994	<i>A. Miller 287a</i> (MO)
287e_hapP	Jalisco	Costa del Pacífico	20°33'38.1"N	105°15'20.2"O	49 S	DQ163995	<i>A. Miller 287e</i> (MO)
Yucatán Abal El Cuyo	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	51 MA	KY436865	<i>R. Ruenes</i> , Tizimín 1, UADY
Yucatán Abal ak Mani	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	52 MA	KY436866	<i>R. Ruenes</i> , Tizimín 2, UADY
Yucatán CiruelaDe monte	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	53 MA	KY436867	<i>R. Ruenes</i> , Tizimín 3, UADY
Yucatán Santa María	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	54 MA	KY436887	<i>R. Ruenes</i> , Tizimín 5, UADY
Yucatán Tuxilo	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	55 MA	KY436888	<i>R. Ruenes</i> , Tizimín 6, UADY



Apéndice 1. Continuación.

Individuo/especimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
Yucatán Xpich Izamal	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	56 MA	KY436889	<i>R. Ruenes</i> , Tizimin 4, UADY
Silvestre Yucatán	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	57 MA	KY436890	Abal silvestre, CRUPY
Abal ak 1 Yucatán	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	58 MA	KY436891	Abal ak 1, CRUPY
Abal ak 2 Yucatán	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	59 MA	KY436892	Abal ak 2, CRUPY
Abal ak 3 Yucatán	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	60 MA	KY436893	Abal ak 3, CRUPY
Abal ak 4 Yucatán	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	61 MA	KY436894	Abal ak 4, CRUPY
Jajal abal Yucatán	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'14.3"N	89°14'46.3"O	62 MA	KY436895	Jajal abal, CRUPY
267c_hapAC	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	DQ164083	<i>A. Miller 267c</i> (MO)
268a_hapAC	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	DQ164084	<i>A. Miller 268a</i> (MO)
268_hapAC	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	DQ164085	<i>A. Miller 268</i> (MO)
269_hapAC	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	DQ164086	<i>A. Miller 269</i> (MO)
Yucatán Amarilla Oaxaca	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436871	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 4, UADY
Yucatán Juntura 1 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436872	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 5, UADY
Yucatán Juntura 2 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436873	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 6, UADY
Yucatán Campechana Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436874	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 7, UADY
Yucatán Juji abal	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436875	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 8, UADY
Yucatán Jajal Noc	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436876	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 9, UADY
Yucatán Ek abal 2 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436877	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 10, UADY
Yucatán Campechana Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436878	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 11, UADY
Yucatán Tuxpana Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436879	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 12, UADY
Yucatán Chi abal 1 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436880	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 13, UADY
Yucatán Chi abal 2 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436881	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 14, UADY
Yucatán Chi abal 3 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436882	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 15, UADY
Yucatán Chi abal 4 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436883	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 16, UADY
Yucatán Juntura abal Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436884	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 17, UADY
267b_hapAC	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	DQ164082	<i>A. Miller 267b</i> (MO)

Apéndice 1. Continuación.

Individuo/especimen	País/Estado	Provincia Biogeográfica	Latitud	Longitud	Población	Accesión GB	Información del voucher
Yucatán Ek abal 1 Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436868	<i>N. Fortuny</i> Hocabá 1, UADY
Yucatán Huhi abal Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436869	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 2, UADY
Yucatán Tuspana Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436870	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 3, UADY
Yucatán Veracruzana	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436885	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 18, UADY
Yucatán Tuspena Hocaba	Yucatán	Península de Yucatán	20°49'08.8"N	89°14'46.9"O	50 MA	KY436886	<i>N. Fortuny</i> , Hocabá 19, UADY
Jalisco Mansa	Jalisco	Costa del Pacífico	20°51'30.41"N	103°45'57.22"O	52 MA	KY436841	<i>M. Ferrer</i> , Tequila 1, UADY
Jalisco Obo	Jalisco	Costa del Pacífico	20°51'30.41"N	103°45'57.22"O	52 MA	KY436842	<i>M. Ferrer</i> , Tequila 2, UADY
286a_hapO	Nayarit	Costa del Pacífico	21°19'41.3"N	105°11'04.5"O	53S	DQ163991	<i>A. Miller 286a</i> (MO)
286b_hapO	Nayarit	Costa del Pacífico	21°19'41.3"N	105°11'04.5"O	53 S	DQ163992	<i>A. Miller 286b</i> (MO)
Nayarit Nay 18	Nayarit	Costa del Pacífico	21°19'41.3"N	105°11'04.5"O	53S	KY436860	Nayarit, CRUPY
Sinaloa Sin 3	Sinaloa	Costa del Pacífico	26°56'41.49"N	108°27'43.24"O	54 MA	KY436861	Rosario, Sinaloa 3, CRUPY
Sinaloa Sin 15	Sinaloa	Costa del Pacífico	26°56'41.49"N	108°27'43.24"O	54 MA	KY436862	Rosario, Sinaloa 15, CRUPY
E17_1_hapD	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163957	<i>A. Costello E17</i> (NY)
E26_1_hapC	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163956	<i>A. Costello E26</i> (NY)
E3_hapE	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163955	<i>A. Costello E3</i> (NY)
F10_hapB	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163953	<i>A. Costello F10</i> (NY)
F12_2_hapC	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163954	<i>A. Costello F12</i> (NY)
F14_2_hapL	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163984	<i>A. Costello F14</i> (NY)
F20_hapA	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163952	<i>A. Costello F20</i> (NY)
R17_1_hapM	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163988	<i>A. Costello R17</i> (NY)
R7_1_hapN	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163989	<i>A. Costello R7</i> (NY)
R71_1_hapM	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163987	<i>A. Costello R71</i> (NY)
R72_2_hapM	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163986	<i>A. Costello R72</i> (NY)
R73_1_hapL	Brasil	----	----	----	Brasil	DQ163985	<i>A. Costello R73</i> (NY)



Apéndice 2. Secuencias empleadas en la reconstrucción de los cladogramas con la región intergénica *trnA-trnH* de cloroplasto (*trnA-trnH*) y el gen nuclear fosfoenol piruvato carboxilasa (*PEPC*) para identificar las relaciones entre las especies del género *Spondias* L. en Mesoamérica. La región incluida en el alineamiento final (Región) se presenta para cada accesión de GenBank. El número de accesión de GenBank e información del voucher (colector, número o clave de colecta, herbario o colección de referencia) del que se obtuvieron las secuencias (tomadas de las referencias en literatura citada) se presentan en las últimas columnas; mientras que en la columna individuo/espécimen se presenta el nombre de la secuencia que se registró en GenBank.

Especie	Individuo/Espécimen	Gen	Región	Accesión GenBank	Referencia	Información de voucher
<i>Bursera arborea</i> (Rose) L. Riley.	Rosell 16 (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377934	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 16</i> (MEXU)
<i>Bursera arida</i> (Rose) Standl.	<i>J. C. Montero 803</i> (MEXU)	PEPC	1-231	JF919098	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 803</i> (MEXU)
<i>Bursera attenuata</i> (Rose) L. Riley.	<i>R. Medina 3417</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377936	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina 3417</i> (MEXU)
<i>Bursera attenuata</i> (Rose) L. Riley.	<i>R. Medina 3412</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377935	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina 3412</i> (MEXU)
<i>Bursera attenuata</i> (Rose) L. Riley.	<i>R. Medina 3423</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377937	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina 3423</i> (MEXU)
<i>Bursera brunea</i> (Urb.) Urb. & Ekman	clone 5	PEPC	1-231	AY309381	Weeks y Simpson, 2004	<i>A. Weeks 01-VIII-22-2</i> (TEX)
<i>Bursera discolor</i> Rzed.	<i>Bursera discolor</i>	PEPC	1-229	AY309364	Weeks y Simpson, 2004	<i>A. Weeks 98-VII-15-1</i> (TEX)
<i>Bursera galeottiana</i> Engl.	<i>J. C. Montero 805</i> (MEXU)	PEPC	1-231	JF919117	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 805</i> (MEXU)
<i>Bursera gracilipes</i> Urb. & Ekman	clone 5	PEPC	1-231	AY309387	Weeks y Simpson, 2004	<i>A. Veloz 2677</i> (JBSD)
<i>Bursera gracilipes</i> Urb. & Ekman	clone 4	PEPC	1-231	AY309386	Weeks y Simpson, 2004	<i>A. Veloz 2677</i> (JBSD)
<i>Bursera instabilis</i> McVaugh & Rzed.	Rosell 12 (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377947	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 12</i> (MEXU)
<i>Bursera instabilis</i> McVaugh & Rzed.	Rosell 11 (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377946	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 11</i> (MEXU)
<i>Bursera instabilis</i> McVaugh & Rzed.	Rosell 13 (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377948	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 13</i> (MEXU)
<i>Bursera itzae</i> Lundell	<i>J. C. Montero 1029</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377950	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 1029</i> (MEXU)
<i>Bursera itzae</i> Lundell	<i>J. C. Montero 1030</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377951	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 1030</i> (MEXU)
<i>Bursera krusei</i> Rzed.	<i>R. Medina 4045</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377952	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina 4045</i> (MEXU)
<i>Bursera lancifolia</i> (Schltdl.) Engl.	<i>Bursera lancifolia</i>	PEPC	1-229	AY309368	Weeks y Simpson, 2004	<i>A. Weeks 98-VII-14-5</i> (TEX)
<i>Bursera longipes</i> (Rose) Standl.	<i>Cervantes 5</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377955	De Nova et al., 2012	<i>A. Cervantes 5</i> (MEXU)
<i>Bursera longipes</i> (Rose) Standl.	<i>Olson 1028</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377956	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1028</i> (MEXU)
<i>Bursera longipes</i> (Rose) Standl.	<i>Olson 1029</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377954	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1029</i> (MEXU)
<i>Bursera longipes</i> (Rose) Standl.	<i>R. Medina P-6</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377957	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina P-6</i> (MEXU)

Apéndice 2. Continuación.

Especie	Individuo/Espécimen	Gen	Región	Accesión GenBank	Referencia	Información de voucher
<i>Bursera multifolia</i> (Rose) Engl.	<i>R. Medina Lemos 4467</i> (MEXU)	PEPC	1-231	JF919132	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina Lemos 4467</i> (MEXU)
<i>Bursera multijuga</i> Engl.	<i>J. C. Montero</i> (MEXU)	PEPC	1-582	JF919133	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero</i> (MEXU)
<i>Bursera ovalifolia</i> (Schltdl.) Engl.	<i>Olson 1128</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377958	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1128</i> (MEXU)
<i>Bursera ovalifolia</i> (Schltdl.) Engl.	<i>Olson 1133</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377959	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1133</i> (MEXU)
<i>Bursera roseana</i> Rzed., Calderón & Medina	<i>Rosell 25</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377963	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 25</i> (MEXU)
<i>Bursera roseana</i> Rzed., Calderón & Medina	<i>R. Medina 3406</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377964	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina 3406</i> (MEXU)
<i>Bursera rzedowskii</i> C.A. Toledo	<i>N. Diego Perez 863</i> (MEXU)	PEPC	1-231	JF919141	De Nova et al., 2012	<i>N. Diego Perez 863</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Rosell 45</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377975	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 45</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Rosell 46</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377974	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 46</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>J. C. Montero 1032</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377992	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 1032</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>C. Martínez 42563</i> (HAC)	PEPC	1-231	GQ377987	De Nova et al., 2012	<i>C. Martínez 42563</i> (HAC)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>C. Martínez 42573</i> (HAC)	PEPC	1-231	GQ377986	De Nova et al., 2012	<i>C. Martínez 42573</i> (HAC)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>C. Martínez et al 2285</i> (RAS)	PEPC	1-231	GQ377985	De Nova et al., 2012	<i>C. Martínez et al. 2285</i> (RAS)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>C. Martínez 42570</i> (HAC)	PEPC	1-231	GQ377983	De Nova et al., 2012	<i>C. Martínez 42570</i> (HAC)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1061</i> (INB)	PEPC	1-231	GQ377982	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1061</i> (INB)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1063</i> (INB)	PEPC	1-231	GQ377981	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1063</i> (INB)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Whitson 343</i> (MO)	PEPC	1-231	GQ377980	De Nova et al., 2012	<i>M. K. Whitson 343</i> (MO)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1034</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377976	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1034</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Rosell 44</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377973	De Nova et al., 2012	<i>J. A. Rosell 44</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1040</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377971	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1040</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1072</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377969	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1072</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1079</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377967	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1079</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Olson 1078</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377966	De Nova et al., 2012	<i>M. E. Olson 1078</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>R. Medina 4430</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377965	De Nova et al., 2012	<i>R. Medina 4430</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>J. C. Montero 932</i> (MEXU)	PEPC	1-231	GQ377962	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 932</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>Bursera simaruba</i>	PEPC	1-231	AY309379	Weeks y Simpson, 2004	<i>A. Weeks 01-VIII-22-3</i> (TEX)



Apéndice 2. Continuación.

Especie	Individuo/Espécimen	Gen	Región	Accesión GenBank	Referencia	Información de voucher
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>J. C. Montero 938</i> (MEXU)	<i>PEPC</i>	1-231	GQ377961	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 938</i> (MEXU)
<i>Bursera simaruba</i> (L.) Sarg.	<i>J. C. Montero 1028</i> (MEXU)	<i>PEPC</i>	1-231	GQ377991	De Nova et al., 2012	<i>J. C. Montero 1028</i> (MEXU)
<i>Canarium balansae</i> Engl.	<i>Canarium balansae</i> Engl.	<i>trnA-trnH</i>	172-312	FJ466486	Weeks, 2009	<i>J. Munzinger 2965</i> (NOU)
<i>Pseudospondias microcarpa</i> (A. Rich.) Engl.	<i>PM5455</i> (LBV)	<i>trnA-trnH</i>	156-614	KC667979	Parmentier et al., 2013	<i>P. Morgane 5455</i> (LBV)
<i>Pseudospondias microcarpa</i> (A. Rich.) Engl.	<i>PM5584</i> (LBV)	<i>trnA-trnH</i>	151-609	KC688827	Parmentier et al., 2013	<i>P. Morgane 5584</i> (LBV)
<i>Spondias dulcis</i> Parkinson	isolate Spo.dulci 23333	<i>trnA-trnH</i>	258-645	KJ026796	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1574</i> (HUEFS)
<i>Spondias dulcis</i> Parkinson	isolate Spo.dulci 2375.05	<i>trnA-trnH</i>	258-645	KJ026800	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado et al.</i> <i>1302</i> (HUEFS)
<i>Spondias dulcis</i> Parkinson	isolate Spo.dulci 2375.04	<i>trnA-trnH</i>	258-645	KJ026799	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado et al.</i> <i>1300</i> (HUEFS)
<i>Spondias dulcis</i> Parkinson	isolate Spo.dulci 2375.03	<i>trnA-trnH</i>	258-645	KJ026798	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado et al.</i> (HUEFS)
<i>Spondias dulcis</i> Parkinson	isolate Spo.dulci 23334	<i>trnA-trnH</i>	258-645	KJ026797	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1574</i> (HUEFS)
<i>Spondias macrocarpa</i> Engl.	isolate Spo.macro 2523.03	<i>trnA-trnH</i>	184-627	KJ026803	Machado et al., 2014	<i>S. Costa s.n.</i> (HUEFS)
<i>Spondias macrocarpa</i> Engl.	isolate Spo.macro 2443.02	<i>trnA-trnH</i>	184-627	KJ026802	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1550</i> (HUEFS)
<i>Spondias macrocarpa</i> Engl.	isolate Spo.macro 2443.01	<i>trnA-trnH</i>	184-627	KJ026801	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1549</i> (HUEFS)
<i>Spondias macrocarpa</i> Engl.	isolate Spo.macro 2523.05	<i>trnA-trnH</i>	184-627	KJ026804	Machado et al., 2014	<i>H. Lorenzi 4068</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 26064	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026814	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G.</i> <i>Antas 1565</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 26063	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026813	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G.</i> <i>Antas 1565</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 26062	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026812	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G.</i> <i>Antas 1565</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 26061	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026811	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G.</i> <i>Antas 1565</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 23861	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026810	Machado et al., 2014	<i>E. Melo et al.</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 1717.22	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026809	Machado et al., 2014	<i>A. M. Miranda 4462</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 17179	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026808	Machado et al., 2014	<i>A. M. Miranda 4462</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 17173	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026807	Machado et al., 2014	<i>A. M. Miranda 4462</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 17171	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026806	Machado et al., 2014	<i>A. M. Miranda 4462</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 1717.04	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026805	Machado et al., 2014	<i>A. M. Miranda 4462</i> (HUEFS)

Apéndice 2. Continuación.

Especie	Individuo/Espécimen	Gen	Región	Accesión GenBank	Referencia	Información de voucher
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 26066	<i>trnA-trnH</i>	179-613	KJ026816	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado</i> y <i>N. G. Antas 1566</i> (HUEFS)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate STRIBCI 601406	<i>trnA-trnH</i>	1-518	GQ982370	Kress et al., 2009	601406 Forest Dynamics Plot on Barro Colorado Island
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype F	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187703	Miller, 2008	<i>A. Miller 42</i> (MO), <i>50</i> (MO), <i>82b</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype G	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187704	Miller, 2008	<i>A. Miller 42</i> (MO), <i>50</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype B	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187699	Miller, 2008	<i>A. Miller 56</i> (MO), <i>82c</i> (MO), <i>174c</i> (MO), <i>216c</i> (MO), <i>216h</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype A	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187698	Miller, 2008	<i>A. Miller 216b</i> (MO), <i>216c</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype D	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187701	Miller, 2008	<i>A. Miller 216d</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype C	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187700	Miller, 2008	<i>A. Miller 217c</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	haplotype E	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187702	Miller, 2008	<i>A. Miller 217a</i> (MO)
<i>Spondias mombin</i> L.	isolate Spo.mombi 26065	<i>trnA-trnH</i>	179-612	KJ026815	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado</i> y <i>N. G. Antas 1565</i> (HUEFS)
<i>Spondias purpurea</i> L.	isolate Spo.purpu 2375.01	<i>trnA-trnH</i>	14-527	KJ026820	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado et al. 1297</i> (HUEFS)
<i>Spondias purpurea</i> L.	isolate Spo.purpu 2333.02	<i>trnA-trnH</i>	14-527	KJ026819	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1572</i> (HUEFS)
<i>Spondias purpurea</i> L.	isolate Spo.purpu 23329	<i>trnA-trnH</i>	14-527	KJ026818	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1571</i> (HUEFS)
<i>Spondias purpurea</i> L.	isolate Spo.purpu 2331.27	<i>trnA-trnH</i>	14-527	KJ026817	Machado et al., 2014	<i>D. Cardoso</i> y <i>M. C. Machado 3259</i> (HUEFS)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AT	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187741	Miller, 2008	<i>A. Miller 84</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AM	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187734	Miller, 2008	<i>A. Miller 133f</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype L	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187709	Miller, 2008	<i>A. Miller 219a</i> (MO), <i>219d</i> (MO), <i>219f</i> (MO), <i>219g</i> (MO), <i>219h</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AU	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187742	Miller, 2008	<i>A. Miller 111c</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AN	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187735	Miller, 2008	<i>A. Miller 201f</i> (MO), <i>219c</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AL	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187733	Miller, 2008	<i>A. Miller 73a</i> (MO), <i>73b</i> (MO), <i>74a</i> (MO), <i>74c</i> (MO), <i>74d</i> (MO), <i>74e</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AJ	<i>PEPC</i>	1-574	FJ187732	Miller, 2008	<i>A. Miller 219c</i> (MO), <i>219h</i> (MO)



Apéndice 2. Continuación.

Especie	Individuo/Espécimen	Gen	Región	Accesión GenBank	Referencia	Información de voucher
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype W	PEPC	1-574	FJ187719	Miller, 2008	<i>A. Miller 145b</i> (MO), <i>145d</i> (MO), <i>145e</i> (MO), <i>145f</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype R	PEPC	1-574	FJ187715	Miller, 2008	<i>A. Miller 79</i> (MO), <i>109a</i> (MO), <i>109b</i> (MO), <i>109c</i> (MO), <i>109d</i> (MO), <i>109f</i> (MO), <i>111g</i> (MO), <i>111h</i> (MO), <i>133f</i> (MO), <i>149d</i> (MO), <i>236a</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AX	PEPC	1-574	FJ187745	Miller, 2008	<i>A. Miller 74a</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AQ	PEPC	1-574	FJ187738	Miller, 2008	<i>A. Miller 79b</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AO	PEPC	1-574	FJ187736	Miller, 2008	<i>A. Miller 201d</i> (MO), <i>201f</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AB	PEPC	1-574	FJ187724	Miller, 2008	<i>A. Miller 161a</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype Q	PEPC	1-574	FJ187714	Miller, 2008	<i>A. Miller 149e</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype P	PEPC	1-574	FJ187713	Miller, 2008	<i>A. Miller 121b</i> (MO), <i>73a</i> (MO), <i>73b</i> (MO), <i>74c</i> (MO), <i>74d</i> (MO), <i>74e</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AY	PEPC	1-574	FJ187746	Miller, 2008	<i>A. Miller 88a</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AW	PEPC	1-574	FJ187744	Miller, 2008	<i>A. Miller 201d</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AV	PEPC	1-574	FJ187743	Miller, 2008	<i>A. Miller 111c</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AS	PEPC	1-574	FJ187740	Miller, 2008	<i>A. Miller 84</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AR	PEPC	1-574	FJ187739	Miller, 2008	<i>A. Miller 79b</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype X	PEPC	1-574	FJ187720	Miller, 2008	<i>A. Miller 161b</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype V	PEPC	1-574	FJ187718	Miller, 2008	<i>A. Miller 129a2</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype O	PEPC	1-574	FJ187712	Miller, 2008	<i>A. Miller 111f</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype K	PEPC	1-574	FJ187708	Miller, 2008	<i>A. Miller 195</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AD	PEPC	1-574	FJ187726	Miller, 2008	<i>A. Miller 111a</i> (MO), <i>111b</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AA	PEPC	1-574	FJ187723	Miller, 2008	<i>A. Miller 44</i> (MO), <i>45a1</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype U	PEPC	1-574	FJ187717	Miller, 2008	<i>A. Miller 146c1</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype T	PEPC	1-574	FJ187716	Miller, 2008	<i>A. Miller 129g</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AG	PEPC	1-574	FJ187729	Miller, 2008	<i>A. Miller 149j</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AC	PEPC	1-574	FJ187725	Miller, 2008	<i>A. Miller 111a</i> (MO), <i>111b</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AH	PEPC	1-574	FJ187730	Miller, 2008	<i>A. Miller 149j</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AP	PEPC	1-574	FJ187737	Miller, 2008	<i>A. Miller 208g</i> (MO)

Apéndice 2. Continuación.

Especie	Individuo/Espécimen	Gen	Región	Accesión GenBank	Referencia	Información de voucher
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AE	PEPC	1-574	FJ187727	Miller, 2008	<i>A. Miller 146f1</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype Z	PEPC	1-574	FJ187722	Miller, 2008	<i>A. Miller 43</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AF	PEPC	1-574	FJ187728	Miller, 2008	<i>A. Miller 146f1</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype Y	PEPC	1-574	FJ187721	Miller, 2008	<i>A. Miller 41</i> (MO), <i>45a1</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype AI	PEPC	1-574	FJ187731	Miller, 2008	<i>A. Miller 174c</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype H	PEPC	1-574	FJ187705	Miller, 2008	<i>A. Miller 82b</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype N	PEPC	1-574	FJ187711	Miller, 2008	<i>A. Miller 129a1</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	isolate Spo.purpu 2375.02	<i>trnA-trnH</i>	14-527	KJ026821	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado et al. 1299</i> (HUEFS)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype J	PEPC	1-574	FJ187707	Miller, 2008	<i>A. Miller 129f1</i> (MO), <i>145h</i> (MO), <i>146d</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype I	PEPC	1-574	FJ187706	Miller, 2008	<i>A. Miller 82c</i> (MO)
<i>Spondias purpurea</i> L.	haplotype M	PEPC	1-574	FJ187710	Miller, 2008	<i>A. Miller 129f2</i> (MO)
<i>Spondias radlkoferi</i> Donn. Sm.	haplotype AZ	PEPC	1-624	FJ187747	Miller, 2008	<i>A. Miller 49</i> (MO)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.06	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026840	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1570</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.05	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026839	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1570</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.04	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026838	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1570</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.03	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026837	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1568</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.02	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026836	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1568</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.01	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026835	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1568</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2446.07	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026834	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y F. X. Souza 1560</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2446.06	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026833	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y F. X. Souza 1559</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 22381	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026832	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1283</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2238.07	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026831	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado 1278</i> (HUEFS)
<i>Spondias venulosa</i> (Engl.) Engl.	isolate Spo.venul 2606.07	<i>trnA-trnH</i>	187-584	KJ026841	Machado et al., 2014	<i>M. C. Machado y N. G. Antas 1570</i> (HUEFS)