

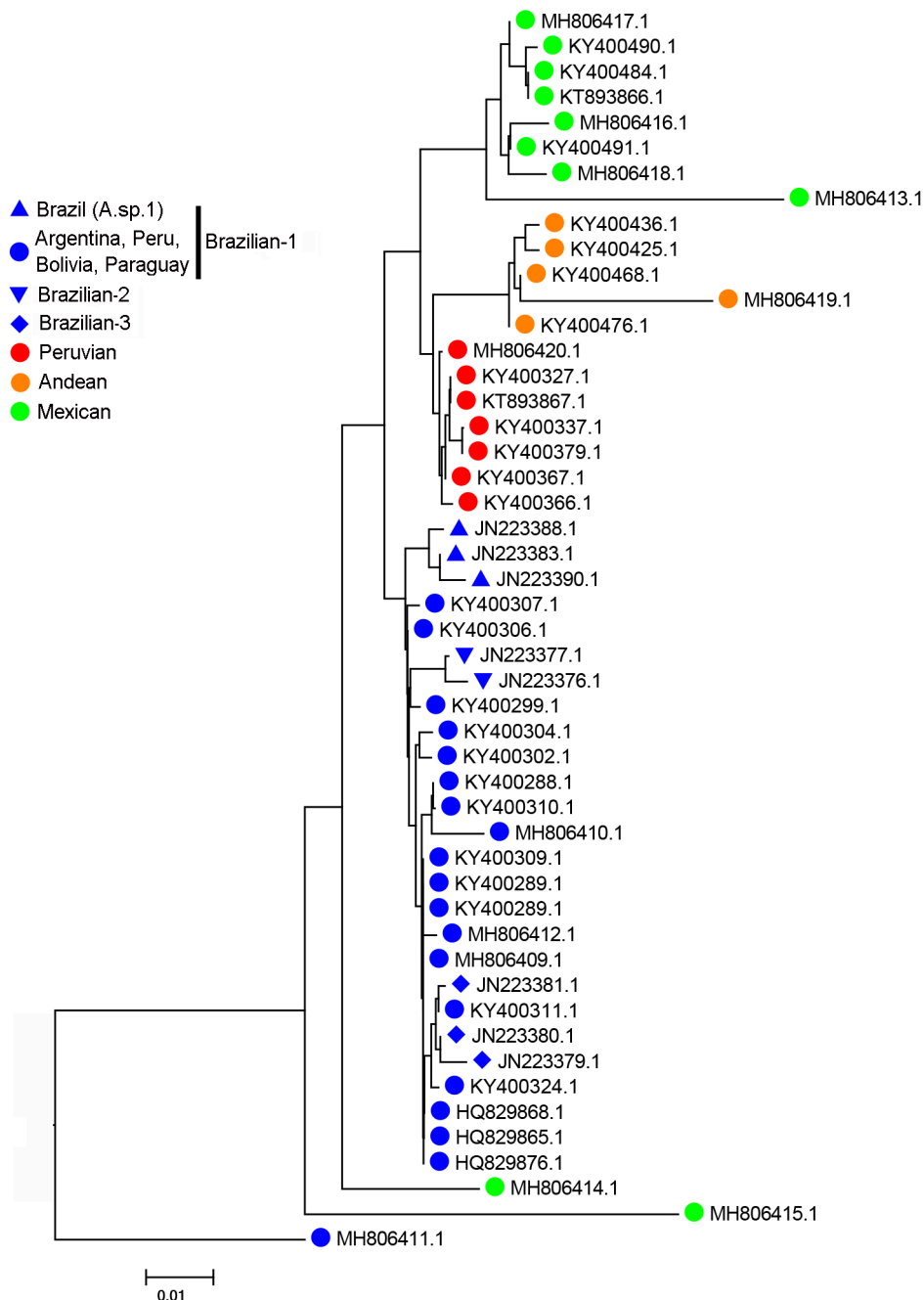


Fig. S1. Phylogenetic analysis by Fast Minimum Evolution method. The evolutionary history was inferred based on genetic distance estimated by Jukes-Cantor method. The tree topology was provided directly by the NCBI site.

0,007														
0,002	0,004													
0,002	0,009	0,004												
0,009	0,016	0,011	0,007											
0,002	0,009	0,004	0,000	0,007										
0,002	0,009	0,004	0,000	0,007	0,000									
0,137	0,142	0,140	0,133	0,145	0,133	0,133								
0,004	0,011	0,007	0,002	0,009	0,002	0,002	0,137							
0,007	0,013	0,009	0,004	0,011	0,004	0,004	0,140	0,002						
0,007	0,013	0,009	0,004	0,011	0,004	0,004	0,140	0,002	0,004					
0,002	0,009	0,004	0,000	0,007	0,000	0,000	0,133	0,002	0,004	0,004				
0,002	0,009	0,004	0,000	0,007	0,000	0,000	0,133	0,002	0,004	0,004	0,000			
0,002	0,009	0,004	0,000	0,007	0,000	0,000	0,133	0,002	0,004	0,004	0,000	0,000		

Table S2. Genetic distances among ITS1 sequences from the AF complex collected in Mexico, Guatemala and Colombia

MxChi_KY400491										
MxApa	0,002									
VeCar_KY400490	0,002	0,004								
MxJic	0,150	0,154	0,144							
MxTap	0,044	0,047	0,041	0,126						
MxQro	0,082	0,085	0,086	0,333	0,161					
MxTeo	0,000	0,002	0,002	0,150	0,044	0,082				
GuCit	0,002	0,004	0,004	0,154	0,047	0,085	0,002			
CoSan_KY400484	0,000	0,002	0,002	0,150	0,044	0,082	0,000	0,002		
CoSan_KT8893866	0,000	0,002	0,002	0,150	0,044	0,082	0,000	0,002	0,000	

Table S3. Genetic distance among ITS1 sequences from AF complex collected in lowlands of Ecuador, Peru

PeLam_KY400367											
PeCas_KY400351	0,000										
EcGuy_KY400327	0,000	0,000									
EcGuy_KT893867	0,000	0,000	0,000								
PeCas_KY400389	0,000	0,000	0,000	0,000							
PeJeq_KY400337	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000						
PeCas_KY400395	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002					
PeTum_KY400379	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,002				
PeCaj_KY400366	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,004	0,002			
PePiu	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,007	0,004	0,007		
PeLmo	0,007	0,007	0,007	0,007	0,007	0,007	0,009	0,007	0,009	0,011	
EcGua	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000	0,002	0,004	0,007

Table S4. Genetic distance among ITS1 sequences from the highlands of Colombia

Colba							
CoHui_KY400468	0,030						
CoRio_KY400422	0,030	0,000					
CoRiz_KY400476	0,030	0,000	0,000				
CoRio_KY400469	0,030	0,000	0,000	0,000			
CoCau_KY400436	0,030	0,000	0,000	0,000	0,000		
CoRio_KY400427	0,030	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	