

Assessment of Genetic Diversity of the 'Acquaviva red onion' (*Allium cepa* L.) Apulian Landrace

Supplementary Material

Table S1. Morphological descriptors related to bulb[†], skin and flesh.

Code	Bulb shape (1: elliptic; 2: ovate; 3: broad elliptic; 4: globe; 5: broad ovate; 6: broad obovate; 7: rhomboid; 8: flat globe 9: flat)	Bulb apical shape (1: depressed; 2: flat; 3: weak prominent; 4: smooth; 5: weak pointed; 6: strong pointed)	Bulb basal shape (1: depressed; 2: pointed; 3: smooth; 4: weak conical; 5: strong conical)	Bulb thickness (cm)	CV* (%)	Bulb width (cm)	CV (%)	Thickness/Width	CV* (%)	Bulb skin colour (1: white; 2: gray; 3: green; 4: yellow; 5: brown; 6: dark pink; 7: violet-red)	Skin colour intensity (3: weak; 5: intermediate; 7: dark)	Bulb flesh colour (1: white-light pink; 2: dark pink-violet; 3: violet- red)
ARO1	8	2	2	4,5 C	18,6	9,2 A	24,3	0,5 C	14,5	6	7	2
ARO2	8	2	2	5,1 C	18,6	10,0 A	16,8	0,5 C	29,4	6	7	2
ARO3	8	2	2	5,1 C	17,0	10,3 A	23,3	0,5 C	17,0	6	7	2
ARO4	8	2	2	4,6 C	15,9	9,8 A	16,8	0,5 C	13,0	6	7	2
ARO5	8	2	2	5,1 C	14,0	9,6 A	18,7	0,5 C	27,7	6	7	2
ARO6	8	2	2	4,4 C	9,6	9,1 A	19,1	0,5 C	27,7	6	7	2
ARO7	8	2	2	5,5 C	15,9	9,6 A	19,8	0,6 C	18,2	6	7	2
ARO8	8	2	2	4,9 C	15,6	10,9 A	17,3	0,5 C	19,2	6	7	2
ARO9	8	2	2	5,0 C	14,4	10,8 A	22,7	0,5 C	17,5	6	7	2
ARO10	8	2	2	4,9 C	20,2	9,8 A	21,3	0,5 C	18,0	6	7	2
ARO11	8	2	2	5,4 C	17,7	11,9 A	17,2	0,5 C	14,6	6	7	2
ARO12	8	2	2	5,3 C	14,6	10,3 A	19,2	0,5 C	34,8	6	7	2
ARO13	8	2	2	4,4 C	18,1	7,5 AB	24,0	0,6 C	15,2	6	7	2
MCO	6	3	4	7,6 B	14,0	6,8 B	24,2	1,1 B	22,3	5	5	1
TRO1	8	2	2	4,8 C	17,9	8,9 A	19,8	0,5 C	16,7	7	7	3
TRO2	7	6	6	11,6 A	20,6	6,6 B	20,7	1,7 A	18,3	7	7	3

[†]Means with the same letters in uppercase or lowercase are not statistically different at 0,01P or 0,05P, respectively (SNK's Test); * Coefficient of variation.

Table S2. Mean observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosity and fixation index (F) for each population considered in this study.

ID Accession	H_o	H_e	F
ARO1	0.40	0.45	0.154
ARO2	0.44	0.52	0.184
ARO3	0.50	0.51	0.037
ARO4	0.48	0.50	0.050
ARO5	0.45	0.51	0.125
ARO6	0.55	0.50	-0.106
ARO7	0.27	0.28	0.063
ARO8	0.53	0.54	0.011
ARO9	0.44	0.48	0.085
ARO10	0.57	0.53	-0.040
ARO11	0.45	0.51	0.103
ARO12	0.39	0.46	0.109
ARO13	0.45	0.53	0.149
TRO1	0.53	0.50	-0.068
TRO2	0.46	0.45	0.013
MCO	0.51	0.50	0.001
Mean	0.46	0.49	0.054

Table S3. Pairwise population Φ_{iPT} values among all populations genotyped in the present study. Probability values (P) are based on 999 permutations.

Pairwise Comparisons		Φ_{iPT}	P
Accession 1	Accession 2		
ARO7	TRO2	0.468	0.001
ARO7	TRO1	0.427	0.001
ARO12	TRO2	0.339	0.001
ARO7	MCO	0.325	0.001
ARO7	ARO11	0.323	0.001
ARO7	ARO12	0.314	0.001
ARO12	TRO1	0.292	0.001
ARO3	ARO7	0.275	0.001
ARO4	ARO7	0.274	0.001
ARO5	ARO7	0.266	0.001
ARO2	ARO7	0.266	0.001
ARO7	ARO13	0.252	0.001
ARO12	MCO	0.234	0.001
ARO7	ARO10	0.230	0.001
ARO1	MCO	0.229	0.001
ARO9	TRO2	0.227	0.001
TRO2	MCO	0.227	0.001
ARO6	ARO7	0.224	0.001
ARO1	ARO7	0.223	0.001
ARO7	ARO9	0.223	0.001
ARO1	TRO1	0.219	0.001

ARO9	TRO1	0.216	0.001
ARO1	TRO2	0.207	0.001
ARO9	MCO	0.200	0.001
ARO8	TRO1	0.197	0.001
TRO1	MCO	0.196	0.001
ARO7	ARO8	0.194	0.001
ARO3	ARO12	0.194	0.001
ARO8	TRO2	0.188	0.001
ARO8	MCO	0.186	0.001
ARO8	ARO12	0.175	0.001
ARO5	TRO1	0.174	0.001
ARO6	TRO2	0.173	0.001
ARO3	MCO	0.172	0.001
ARO10	ARO12	0.171	0.001
ARO9	ARO12	0.171	0.001
ARO5	ARO12	0.166	0.001
ARO1	ARO12	0.164	0.001
ARO4	ARO12	0.162	0.001
ARO11	MCO	0.159	0.001
ARO13	TRO2	0.157	0.001
ARO6	TRO1	0.156	0.001
ARO5	TRO2	0.154	0.001
ARO6	ARO12	0.149	0.001
ARO3	TRO1	0.145	0.001
ARO3	TRO2	0.145	0.001
ARO6	MCO	0.139	0.001
ARO11	ARO12	0.135	0.001
ARO5	MCO	0.134	0.001
ARO4	MCO	0.133	0.001
ARO4	TRO2	0.132	0.001
ARO10	TRO2	0.130	0.001
ARO2	TRO1	0.128	0.001
ARO12	ARO13	0.127	0.001
ARO2	TRO2	0.122	0.001
ARO4	TRO1	0.120	0.001
ARO2	MCO	0.116	0.001
ARO1	ARO13	0.116	0.001
ARO9	ARO13	0.115	0.001
ARO8	ARO11	0.115	0.001
ARO10	TRO1	0.113	0.001
ARO11	TRO2	0.111	0.001
ARO9	ARO11	0.111	0.001
ARO2	ARO12	0.107	0.001

ARO8	ARO13	0.102	0.001
ARO13	TRO1	0.100	0.001
ARO13	MCO	0.100	0.001
ARO6	ARO11	0.096	0.001
ARO11	TRO1	0.094	0.001
ARO1	ARO11	0.093	0.001
ARO10	MCO	0.089	0.001
ARO3	ARO9	0.084	0.001
ARO4	ARO8	0.081	0.001
ARO3	ARO13	0.074	0.001
ARO2	ARO3	0.074	0.001
TRO1	TRO2	0.070	0.001
ARO1	ARO3	0.067	0.001
ARO10	ARO11	0.065	0.001
ARO5	ARO13	0.063	0.001
ARO4	ARO9	0.087	0.002
ARO6	ARO9	0.086	0.002
ARO3	ARO8	0.081	0.002
ARO5	ARO8	0.069	0.002
ARO9	ARO10	0.064	0.002
ARO3	ARO11	0.060	0.002
ARO2	ARO6	0.059	0.002
ARO5	ARO11	0.055	0.002
ARO4	ARO11	0.049	0.002
ARO4	ARO13	0.048	0.002
ARO6	ARO13	0.086	0.003
ARO5	ARO9	0.061	0.004
ARO2	ARO9	0.059	0.004
ARO2	ARO13	0.044	0.006
ARO1	ARO6	0.059	0.007
ARO1	ARO2	0.044	0.009
ARO1	ARO10	0.048	0.010
ARO3	ARO10	0.047	0.010
ARO2	ARO8	0.043	0.010
ARO2	ARO11	0.035	0.012
ARO5	ARO6	0.057	0.014
ARO8	ARO9	0.047	0.016
ARO1	ARO5	0.044	0.017
ARO5	ARO10	0.037	0.017
ARO1	ARO4	0.042	0.023
ARO2	ARO4	0.030	0.032
ARO8	ARO10	0.034	0.039
ARO10	ARO13	0.025	0.039

ARO1	ARO8	0.033	0.047
ARO6	ARO10	0.034	0.052
ARO1	ARO9	0.028	0.054
ARO4	ARO6	0.033	0.055
ARO3	ARO6	0.039	0.059
ARO6	ARO8	0.029	0.081
ARO11	ARO13	0.025	0.082
ARO3	ARO5	0.019	0.108
ARO2	ARO5	0.020	0.112
ARO4	ARO5	0.017	0.150
ARO4	ARO10	0.014	0.174
ARO3	ARO4	0.004	0.366
ARO2	ARO10	0.002	0.441

Table S4. Features of the 16 EST-SSR and 21 genomic SSR primer pairs tested on the 16 populations of the present study.

Locus	Primer Sequences (5'→3')	Repeat Motif	Annealing Temp. (°C)	Reference
ACM006	GCAGTTCCTCCCTTGTA AAAATCA GTGATGGATGAGTGGATGGA	(CTC) ₇	58	Kuhl et al., 2004
ACM024	CCCCATTTTCTTCATTTTCTCA TGCTGTTGCTGTTGTTGTTG	(GCA) ₁₀	58	Kuhl et al., 2004
ACM091*	TCTCCTCCTCTAACCAGCCA GGTGTCCAGTTGAGCTTTC	(TCT) ₁₀	58	Kuhl et al., 2004
ACM101*	CCTTTGCTAACCAATCCGA CTTGTTGAGAAGGAGGACGC	(TCC) ₅	58	Kuhl et al., 2004
ACM115	TCCATCTATGCATCTGCCAC CTATTCTTCCACTGGGGCAA	(CAC) ₆	58	Kuhl et al., 2004
ACM121	GCAA ACTCATATAGTGCCGC GAACCGATTCTACGAGCAGC	(TAT) ₅	58	Kuhl et al., 2004
ACM132*	ATGGGGCCTGGTAAGTTTTT TGCACACCGTTTCCATTTTA	(ACAT) ₁₄ AC(CA TG) ₄	58	Kuhl et al., 2004
ACM134	ACACACACAAGAGGGAAGGG CACACACCCACACACATCAA	(GA) ₈	58	Kuhl et al., 2004
ACM138*	ACGGTTTGATGCACAAGATG CCAACCAACAGTTGATACTGC	(CTGC) ₁₁	58	Kuhl et al., 2004
ACM147*	CAC TTTCCCGTCTAATCGACA TTCCACAAATCAAAAACCA	(CTC) ₅	58	Kuhl et al., 2004
ACM151	TGTCAGACAAGCAACTCCTCC AGGTGAGGCTTAGATGGGGT	(ACA) ₅	58	Kuhl et al., 2004
ACM152*	TCCCAAGAGTCCAAGAATGG TGTTCTCCCTTAAACAGTGCAA	(CAG) ₈	58	Kuhl et al., 2004
ACM227	AGCAGCTCATT CAGCAAAA GAGGTCGGAGAAGGAGGAGT	(CAG) ₇	58	Kuhl et al., 2004
ACM235*	ACGCATTTTCAAATGAAGGC TGAGTCGGCACTCACCTATG	(TTTG) ₄	58	Kuhl et al., 2004
ACM238	TGATAGCCAGTTGATTGCCGA TTCCCCAGTACACACCTTCC	(TTTG) ₄	58	Kuhl et al., 2004
ACM303	CGATGATTATAGATATTTCTGTTATGG CATT CATAATCTCACAGTGGAAGG	(AC) ₈	58	Kuhl et al., 2004
ACM359	TCCATTTCACTTGGGTTTACAA GCAAAGAATTA AATTGGAAGAAA	(TATG) ₅	58	Baldwin et al., 2012
ACM366	TTTTGTCTAAAAATGGGCTGA	(A) ₁₀	58	Baldwin et al.,

	TGGGCTAATTCAGGGTTG			2012
ACM373	AGGTAAAGAAGTTGAATGGTCTG AAATGGACAAGTGGCATTCA	(AC) ¹⁵	58	Baldwin et al., 2012
ACM376	TCCAAAACCCATAGGTTCCA CAAGTTGGAAGGATAAGTTGTCTG	(AC) ¹¹	58	Baldwin et al., 2012
ACM385	AAGGATTTTATATTGATTTTGAATGAG CCAATTTCAAAGACAGCATT	(AATA) ⁵	58	Baldwin et al., 2012
ACM389	TGGAAAATGGAGCATGGTT GGTAGTAGAGTGGGGCGTT	(AAT) ⁵	58	Baldwin et al., 2012
ACM390	ACATACAAGATGGACACTCAACA GTCAACAACCATGAGTCCG	(AT) ¹⁰ (GTAT) ⁹	58	Baldwin et al., 2012
ACM410	TGAGGCACGATGAAACCATA TTTTTGTCCCACTCATCCTTT	(AT) ⁶	58	Baldwin et al., 2012
ACM439	AAATGAAATACTGGAAAGAATAATTGA ACCCTTAGCCATGAACCTCC	(TA) ⁷	58	Baldwin et al., 2012
ACM443	TGGTGCTTGCTATGTTTTGC CCCTAGGCCAAGCTTACTTGT	(TA) ¹⁰	58	Baldwin et al., 2012
ACM446*	TCAAGAATTCTGTTGCATCTTGT AATAAGACCGCAGAAACGAAA	(TA) ⁸	65 → 55*	Baldwin et al., 2012
ACM449*	GTAAAGGTGTAATAGGAATGAATCG TACAAAGAAACACACGCGCT	(GT) ⁷	65 → 55*	Baldwin et al., 2012
ACM452	ATCGGGGGTTTGGAAATAAAA ACGTGATAGGGTGGCTGAAC	(AT) ⁷	58	Baldwin et al., 2012
ACM463*	GCATATCGTTAATATTTTCATACTTCCA GCTTCGCAACAGACACGTTA	(AC) ⁸	58	Baldwin et al., 2012
ACM474	TACGGGGAATCAACAACCTGC TACGCCGTTAGTAAGCGGAT	(AT) ⁶	58	Baldwin et al., 2012
ACM477	TGCAATTGGAACCTTTGGTTTT CCGTTCTCTATTTTGCAGC	(AT) ⁶	58	Baldwin et al., 2012
ACM504*	TCCCAAGAGTCCAAGAATGG GTCGGTTTCAACATGAATACCAT	(GT) ⁶	58	Baldwin et al., 2012
ACM509	CAATAATTAGCGGAAACAAAGAA TCACCTTTGGAGTTTGGAGC	(TA) ⁶	58	Baldwin et al., 2012
ACM520	CATGAAGCTGTTATTTGCATTTG CCCTGCATGATGTTATTTTGC GTACCCGAGACAAACCCCTT	(TA) ⁷	58	Baldwin et al., 2012
ACM531	GAAGTTGCTGGGAGAGATGC	(TC) ⁶ ACCCCATC TTCTTCTCCTCT TCCTGTTTCTTC TTCTCACTTTA(T) ¹⁰	58	Baldwin et al., 2012
Gssr6	CAAGAGGCCAATCATGTGATAA AGGCTTTGATGCTGTTTTGAT	(TAT) ⁴	58	Kim et al., 2012

* Primer pairs selected to genotype the 16 populations used in this study.

Table S5. Pairwise population matrix of Nei genetic distance among the 16 onion populations characterized in the present study.

ARO1	ARO2	ARO3	ARO4	ARO5	ARO6	ARO7	ARO8	ARO9	ARO10	ARO11	ARO12	ARO13	TRO1	TRO2	MCO	
0.000																ARO1
0.041	0.000															ARO2
0.051	0.078	0.000														ARO3
0.034	0.040	0.043	0.000													ARO4
0.046	0.046	0.053	0.051	0.000												ARO5
0.058	0.070	0.060	0.042	0.069	0.000											ARO6
0.230	0.274	0.270	0.253	0.266	0.237	0.000										ARO7
0.052	0.040	0.073	0.068	0.067	0.054	0.233	0.000									ARO8
0.022	0.042	0.034	0.036	0.033	0.043	0.232	0.035	0.000								ARO9
0.062	0.031	0.068	0.028	0.065	0.076	0.250	0.052	0.055	0.000							ARO10
0.050	0.060	0.037	0.046	0.063	0.072	0.288	0.072	0.039	0.066	0.000						ARO11
0.109	0.119	0.169	0.140	0.158	0.106	0.253	0.123	0.121	0.166	0.128	0.000					ARO12
0.087	0.072	0.086	0.064	0.084	0.094	0.221	0.081	0.067	0.046	0.049	0.125	0.000				ARO13
0.159	0.131	0.118	0.095	0.167	0.125	0.461	0.151	0.138	0.102	0.090	0.273	0.106	0.000			TRO1
0.151	0.114	0.115	0.110	0.142	0.151	0.573	0.138	0.138	0.116	0.097	0.330	0.150	0.062	0.000		TRO2
0.156	0.113	0.133	0.102	0.122	0.101	0.252	0.125	0.111	0.072	0.145	0.206	0.103	0.159	0.179	0.000	MCO

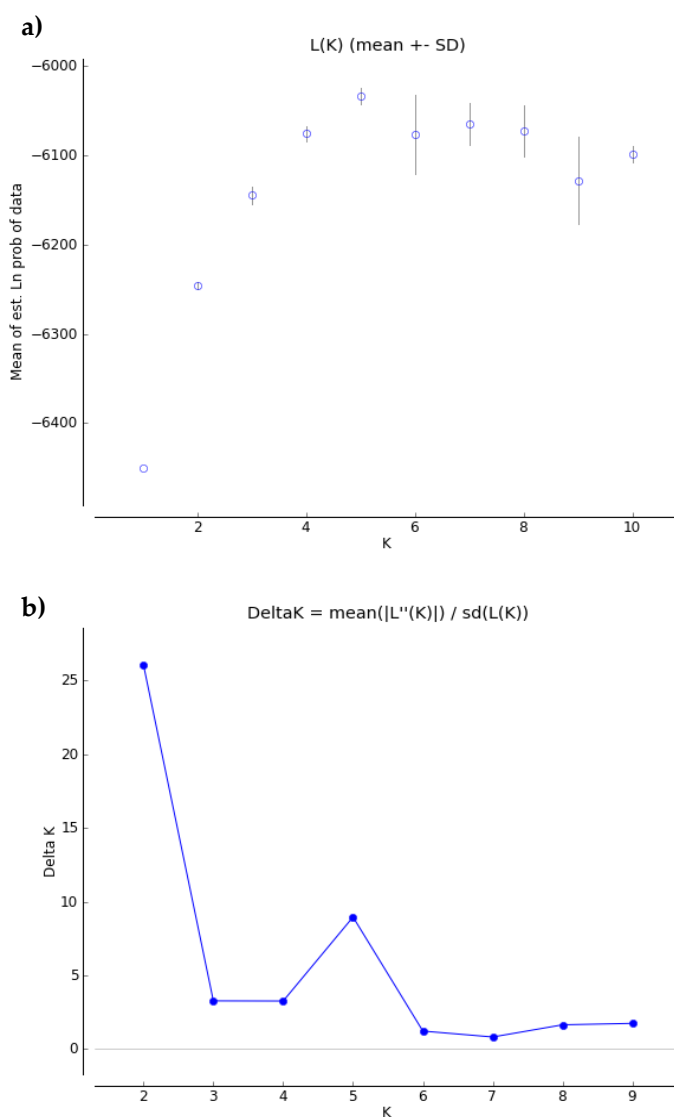


Figure S1. Post-hoc evaluation of STRUCTURE results. Mean likelihood $L(K)$ and variance for 10 independent runs in each of the hypothetical assumed populations (1-10) (**a**) and detection of the most likely value of K (**b**). Two populations best define genetic variation in *Allium cepa* collection, although the next highest peak describes a deeper structuring in the collection, as confirmed both by the hierarchical clustering and by the principal coordinate analysis.