

Table S1. Number of successfully analysed genotypes (N), observed (N_a) and effective (N_e) alleles, observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e), and Fixation Index (F) worked out for each accession on the base of data recorded overall the 21 used markers. Mean and standard errors are also reported. (m.l. = monomorphic locus, n.a.=not amplified).

Accession	Locus	N	N_a	N_e	H_o	H_e	F
Marathon	SSR45	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR47	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR49	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR54	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR58	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR59	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR31	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR39	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR42	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR35	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR6	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR20	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR10	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR22	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	<i>Bo_CRY1</i> -SSR17	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FLC1</i> -SSR1	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	<i>Bo_FT</i> -SSR9	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_LFY</i> -SSR7	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_GI</i> -SSR20	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FLC3</i> -SSR3	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
<i>Bo_FRI</i> -gene derived19	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.	
	Mean	8.000	1.429	1.429	0.429	0.214	-1.000
	SE	0.000	0.111	0.111	0.111	0.055	0.000
Packman	SSR45	8	2.000	1.969	0.875	0.492	-0.778
	SSR47	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR49	8	2.000	1.969	0.875	0.492	-0.778
	SSR54	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR58	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR59	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR31	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR39	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR42	8	2.000	1.969	0.875	0.492	-0.778
	SSR35	8	2.000	1.969	0.875	0.492	-0.778
	SSR6	8	2.000	1.133	0.125	0.117	-0.067
	SSR20	8	3.000	2.510	0.875	0.602	-0.455
	SSR10	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR22	8	2.000	1.969	0.875	0.492	-0.778
	<i>Bo_CRY1</i> -SSR17	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.

	<i>Bo_FLC1</i> -SSR1	8	2.000	1.280	0.250	0.219	-0.143
	<i>Bo_FT</i> -SSR9	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_LFY</i> -SSR7	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_GI</i> -SSR20	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	<i>Bo_FLC3</i> -SSR3	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FRI</i> -gene derived19	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	Mean	8.000	1.476	1.370	0.315	0.186	-0.617
	SE	0.000	0.131	0.111	0.092	0.053	0.070
Ironman	SSR45	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR47	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR49	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR54	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR58	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR59	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR31	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR39	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR42	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR35	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR6	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR20	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR10	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR22	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	<i>Bo_CRY1</i> -SSR17	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FLC1</i> -SSR1	0	0.000	0.000	0.000	0.000	n.a.
	<i>Bo_FT</i> -SSR9	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_LFY</i> -SSR7	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_GI</i> -SSR20	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FLC3</i> -SSR3	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FRI</i> -gene derived19	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	Mean	7.619	1.333	1.333	0.381	0.190	-1.000
	SE	0.381	0.126	0.126	0.109	0.054	0.000
Santee	SSR45	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR47	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR49	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR54	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR58	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR59	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR31	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR39	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR42	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR35	0	0.000	0.000	0.000	0.000	n.a.
	SSR6	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR20	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	SSR10	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	SSR22	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000

	<i>Bo_CRY1</i> -SSR17	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FLC1</i> -SSR1	0	0.000	0.000	0.000	0.000	
	<i>Bo_FT</i> -SSR9	8	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	<i>Bo_LFY</i> -SSR7	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_GI</i> -SSR20	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FLC3</i> -SSR3	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_FRI</i> -gene derived19	8	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	Mean	7.238	1.190	1.190	0.286	0.143	-1.000
	SE	0.525	0.131	0.131	0.101	0.051	0.000
Syn0_8C	<i>Bo_SSR45</i>	40	4.000	2.621	0.700	0.618	-0.132
	<i>Bo_SSR47</i>	40	2.000	1.161	0.150	0.139	-0.081
	<i>Bo_SSR49</i>	40	4.000	3.490	0.625	0.713	0.124
	<i>Bo_SSR54</i>	40	3.000	1.594	0.375	0.373	-0.006
	<i>Bo_SSR58</i>	40	2.000	1.342	0.250	0.255	0.020
	<i>Bo_SSR59</i>	40	3.000	2.337	0.175	0.572	0.694
	<i>Bo_SSR31</i>	40	2.000	1.503	0.375	0.335	-0.120
	<i>Bo_SSR39</i>	39	2.000	1.979	0.385	0.495	0.223
	<i>Bo_SSR42</i>	40	2.000	1.342	0.300	0.255	-0.176
	<i>Bo_SSR35</i>	40	1.000	1.000	0.000	0.000	m.l.
	<i>Bo_SSR6</i>	40	6.000	3.699	0.475	0.730	0.349
	<i>Bo_SSR20</i>	40	5.000	4.025	0.700	0.752	0.069
	<i>Bo_SSR10</i>	40	5.000	2.258	0.600	0.557	-0.077
	<i>Bo_SSR22</i>	40	2.000	1.694	0.575	0.410	-0.404
	<i>Bo_CRY1</i> -SSR17	40	2.000	1.250	0.225	0.200	-0.127
	<i>Bo_FLC1</i> -SSR1	40	2.000	2.000	1.000	0.500	-1.000
	<i>Bo_FT</i> -SSR9	40	2.000	1.882	0.500	0.469	-0.067
	<i>Bo_LFY</i> -SSR7	40	3.000	2.090	0.575	0.522	-0.102
	<i>Bo_GI</i> -SSR20	40	2.000	1.220	0.150	0.180	0.167
	<i>Bo_FLC3</i> -SSR3	40	2.000	1.980	0.550	0.495	-0.111
	<i>Bo_FRI</i> -gene derived19	40	3.000	2.749	0.600	0.636	0.057
	Mean	39.952	2.810	2.058	0.442	0.438	-0.035
	SE	0.048	0.281	0.186	0.052	0.045	0.070