

APÉNDICE DIGITAL 5

Genealogía de haplogrupos del gen COI de la población *trans*-Andina de *Atta cephalotes*.

La genealogía se reconstruyó en Beast 1.8.4, asumiendo un tamaño constante para la población, un reloj molecular relajado con distribución lognormal y un modelo de sustitución nucleotídica HKY ajustado (ver Materiales y Métodos) con una tasa de 9.5 ± 0.01 sustituciones por sitio por millón de años. Las barras indican la incertidumbre en la estimación del tiempo de divergencia. En la genealogía consenso un nodo con probabilidad posterior ≥ 0.95 se considera bien soportado. Esta genealogía ultramétrica fue visualizada en FigTree1.4.2

DIGITAL APPENDIX 5

Genealogy of COI gene haplogroups for the *trans*-Andean population of *Atta cephalotes*.

The genealogy was reconstructed in Beast 1.8.4, assuming constant population size, a molecular clock with a relaxed lognormal distribution and an adjusted HKY nucleotide substitution model (see Materials and Methods) with a rate of 9.5 ± 0.01 substitutions per site per million years. Bars show uncertainty of divergence time estimates. In the consensus genealogy a node with a posterior probability ≥ 0.95 is considered well-supported. This ultrametric genealogy was displayed in FigTree 1.4.2

