

The following supplement accompanies the article

Location and disturbance affect population genetic structure in four coral species of the genus *Acropora* on the Great Barrier Reef

**P. Souter¹, B. L. Willis^{2,3}, L. K. Bay^{1,2}, M. J. Caley¹, A. Muirhead¹,
M. J. H. van Oppen^{1,*}**

¹Australian Institute of Marine Science, PMB #3, Townsville, Queensland 4810, Australia

²ARC Centre of Excellence for Coral Reef Studies, and ³School of Marine and Tropical Biology, James Cook University, Townsville, Queensland 4811, Australia

*Corresponding author. Email: m.vanoppen@aims.gov.au

Marine Ecology Progress Series 416:35–45 (2010)

Supplement 1. Additional data

Table S1. *Acropora* spp. Allele frequencies per sample. Bold indicates alleles present in only one temporal sample. PI: Pelorus Island; OI: Orpheus Island; FI: Fantome Island

Locus	<i>A. millepora</i> PI 1997	<i>A. millepora</i> PI 2004	<i>A. millepora</i> OI 1997	<i>A. millepora</i> OI 2004	<i>A. millepora</i> FI 2004	<i>A. spatulata</i> PI 2004	<i>A. spatulata</i> OI 2004	<i>A. spatulata</i> FI 2004	<i>A. pulchra</i> PI 1997	<i>A. pulchra</i> PI 2004	<i>A. pulchra</i> FI 2004	<i>A. pulchra</i> PI 2004	<i>A. papillare</i> PI 2004	<i>A. papillare</i> OI 2004
Amit2_002														
80	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
86	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
92	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00
94	0.69	0.50	0.44	0.51	0.55	0.90	0.91	0.73	0.00	0.02	0.03	0.00	0.00	0.00
96	0.03	0.03	0.03	0.02	0.03	0.08	0.04	0.02	0.13	0.06	0.01	0.00	0.00	0.00
98	0.25	0.40	0.26	0.43	0.41	0.02	0.04	0.11	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
100	0.03	0.06	0.06	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
102	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.00	0.00	0.00
104	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.15	0.00	0.00	0.92	0.92
108	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.11	0.05	0.00	0.00	0.00
114	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.05	0.14	0.03	0.08	0.08
116	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.09	0.00	0.00	0.00
118	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
120	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.10	0.04	0.04	0.04	0.00	0.00
122	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.15	0.06	0.00	0.00	0.00
124	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07	0.05	0.04	0.01	0.00	0.00
126	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.13	0.00	0.00	0.00
128	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.14	0.07	0.02	0.00	0.00	0.00
130	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.11	0.06	0.07	0.00	0.00	0.00
132	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.01	0.07	0.00	0.00	0.00

162	0.06	0.11	0.00	0.11	0.14	0.03	0.01	0.01	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00
164	0.03	0.01	0.12	0.04	0.05	0.45	0.50	0.42	0.03	0.03	0.09	0.00	0.00
166	0.03	0.12	0.03	0.10	0.05	0.06	0.04	0.02	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00
168	0.11	0.21	0.06	0.10	0.07	0.08	0.07	0.02	0.00	0.00	0.02	0.20	0.10
170	0.17	0.25	0.35	0.29	0.31	0.20	0.21	0.23	0.13	0.09	0.07	0.02	0.02
172	0.03	0.09	0.06	0.09	0.11	0.02	0.00	0.02	0.03	0.02	0.00	0.02	0.08
174	0.06	0.08	0.09	0.08	0.10	0.05	0.03	0.04	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
176	0.03	0.02	0.00	0.07	0.02	0.02	0.01	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
178	0.06	0.06	0.03	0.04	0.07	0.02	0.07	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
180	0.06	0.05	0.03	0.01	0.02	0.01	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.02	0.04
182	0.00	0.00	0.00	0.02	0.01	0.05	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
184	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.03	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Null	0.39	0.00	0.24	0.04	0.02	0.00	0.00	0.11	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00
Amil2_023													
129	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
131	0.00	0.03	0.03	0.03	0.03	0.01	0.00	0.00	0.97	0.96	0.92	1.00	1.00
133	0.03	0.11	0.18	0.09	0.09	0.41	0.46	0.40	0.00	0.02	0.08	0.00	0.00
135	0.39	0.69	0.44	0.73	0.65	0.23	0.18	0.21	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
137	0.17	0.17	0.12	0.08	0.18	0.34	0.32	0.22	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
139	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
141	0.03	0.00	0.00	0.03	0.03	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Null	0.39	0.00	0.24	0.04	0.02	0.00	0.00	0.11	0.03	0.02	0.00	0.00	0.00
Apam3_166													

159	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01
160	0.06	0.04	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
163	0.06	0.01	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
165	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
166	0.00	0.00	0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
169	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Null	0.00	0.27	0.21	0.22	0.21	0.37	0.27	0.27	0.23	0.00	0.00	0.00	0.00
Amil2_010													
147	0.03	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
153	0.08	0.04	0.00	0.00	0.00	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
155	0.00	0.01	0.03	0.00	0.02	0.59	0.58	0.54	0.01	0.00	0.03	0.02	0.00
157	0.03	0.04	0.03	0.00	0.02	0.01	0.00	0.00	0.67	0.74	0.72	0.22	0.22
159	0.11	0.24	0.26	0.24	0.27	0.04	0.06	0.10	0.20	0.05	0.02	0.62	0.54
161	0.00	0.06	0.06	0.02	0.00	0.06	0.07	0.06	0.00	0.02	0.01	0.00	0.00
163	0.03	0.01	0.06	0.01	0.01	0.05	0.12	0.09	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04
166	0.36	0.36	0.26	0.36	0.36	0.18	0.11	0.13	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
168	0.03	0.02	0.00	0.05	0.03	0.01	0.00	0.02	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
170	0.03	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
172	0.00	0.03	0.03	0.03	0.07	0.01	0.01	0.02	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
174	0.06	0.00	0.03	0.01	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00
176	0.03	0.01	0.06	0.05	0.08	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
178	0.06	0.03	0.09	0.05	0.10	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
180	0.00	0.02	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

182	0.00	0.00	0.03	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
184	0.06	0.02	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00
Null	0.11	0.10	0.06	0.12	0.00	0.02	0.00	0.00	0.11	0.16	0.19	0.12	0.20	
Amil2_012														
98	0.00	0.00	0.00	0.03	0.01	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
100	0.81	0.86	0.88	0.79	0.94	0.96	0.98	0.98	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
101	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.84	0.76	0.91	1.00	0.96	
102	0.08	0.02	0.06	0.06	0.03	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
103	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04	0.00	0.00	0.00
106	0.00	0.02	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
123	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Null	0.06	0.10	0.06	0.10	0.29	0.02	0.00	0.00	0.14	0.20	0.06	0.00	0.04	

Table S2. *Acropora* spp. Number of genotyped samples (n); number of samples that amplified across all loci (N_A) and number that amplified successfully at each locus. Numbers in brackets are inclusive of locus Apam3_166 in those samples where it was excluded due to the large numbers of null alleles. Abbreviations as in Table S1

Sample	n	N_A	Amit2_002	Amit2_006	Amit5_028	Amit2_022	Amit2_023	Apam3_166	Amit2_010	Amit2_012
<i>A. millepora</i> PI 1997	18	10	18	18	18	12	12	18	16	18
<i>A. millepora</i> PI 2004	50	45	50	50	50	50	50	50	45	45
<i>A. millepora</i> OI 1997	17	11	17	17	17	14	14	16	16	16
<i>A. millepora</i> OI 2004	50	40	50	50	50	48	48	50	44	45
<i>A. millepora</i> FI 2004	50	46	50	50	50	49	49	50	48	47
<i>A. spathulata</i> PI 2004	50	42	50	50	48	50	50	44	50	50
<i>A. spathulata</i> OI 2004	50	49	50	50	50	50	50	50	50	49
<i>A. spathulata</i> FI 2004	45	40	45	45	45	40	40	44	45	45
<i>A. pulchra</i> PI 1997	35	26 (18)	35	35	33	35	34	(22)	31	30
<i>A. pulchra</i> PI 2004	49	45 (31)	49	49	49	48	48	(34)	46	47
<i>A. pulchra</i> FI 2004	53	49 (13)	53	53	53	52	53	(15)	50	50
<i>A. papillare</i> PI 2004	50	43 (1)	50	50	49	50	50	(1)	44	50
<i>A. papillare</i> OI 2004	25	18 (0)	25	25	21	25	25	(0)	20	24

