

Supplementary materials



**Figure S1.** Hybrid oaks (Location: CY-Cynegetic center)

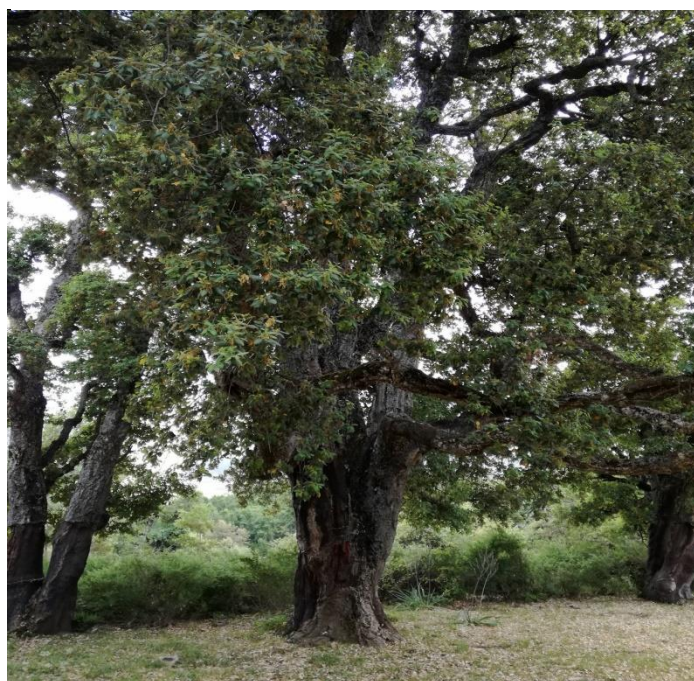


**Figure S2.** *Quercus afares* (Location: SH- Sidi El Hadi)





**Figure S3.** *Quercus afares*: a –tree, b-bark (Location: SH- Sidi El Hadi)



**Figure S4.** *Quercus suber* (Location: AD-Adrar)





Figure S5. Hybrids (a-Location: YA-Yakouren, b- VM- Vide Mehaga)



Figure S6. Hybrids (Location: LN- Lac noir)

*Q. canariensis* Willd.

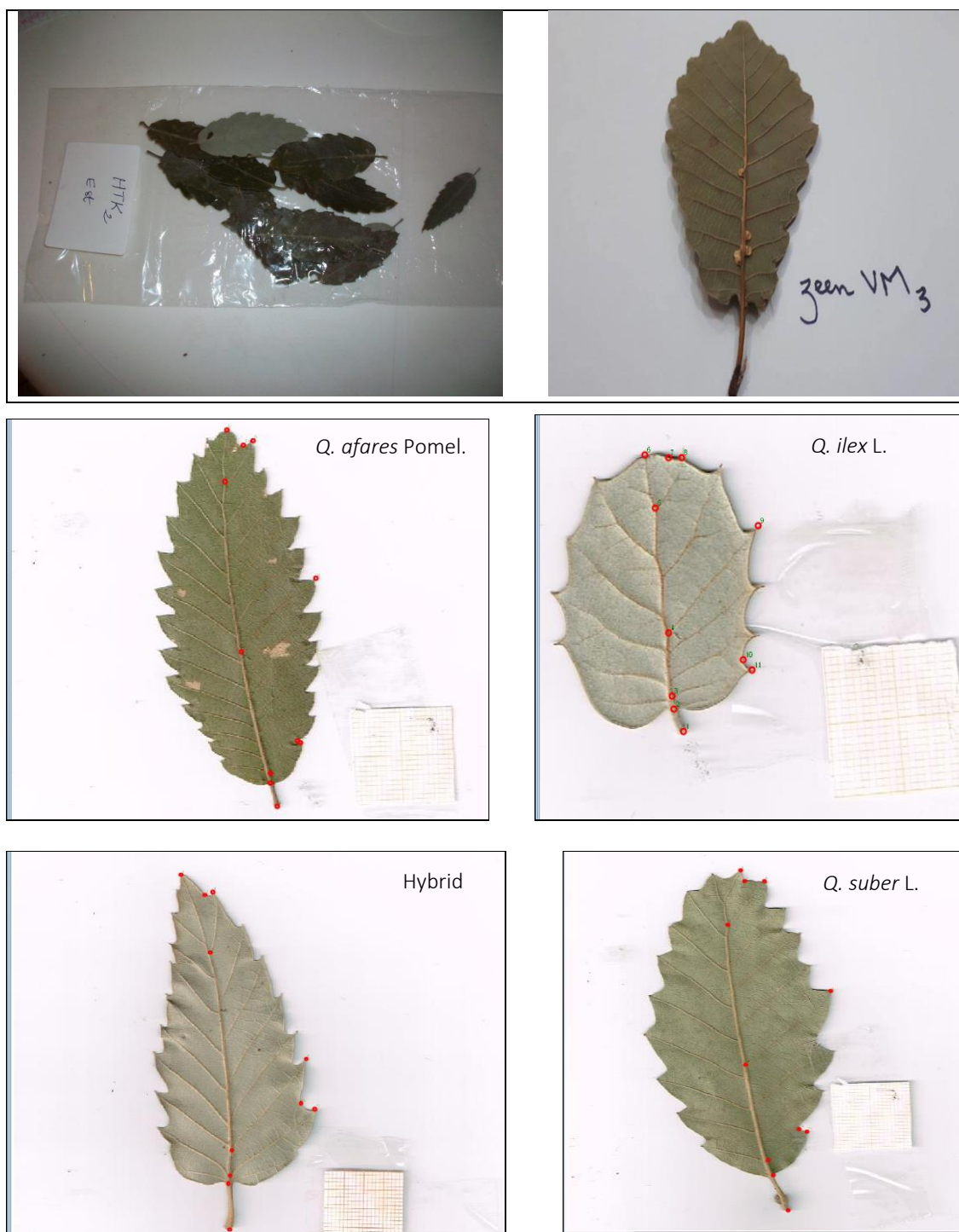
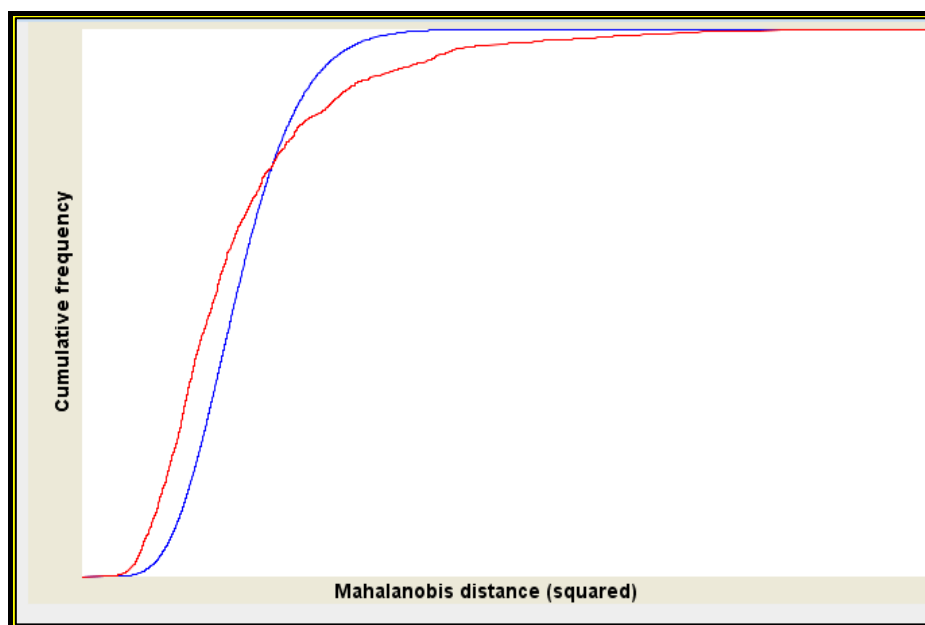
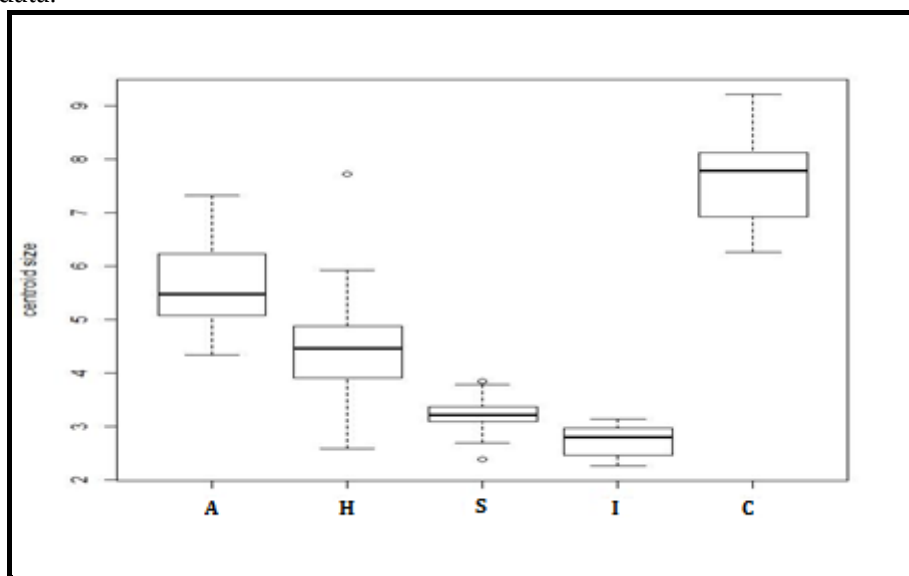


Figure S7. Leaves from the different species analysed.



**Figure S8:** Cumulative distribution of distances of individual samples of the average distribution of the complete sample. In blue: the expected curve for a normal multivariate distribution adjusted to the data, In red : the distances distribution for all the data.



**Figure S9.** Size Centroid variation after average species within trees (box plot). [*Q. afares* (A), *Q. suber* (S), *Q. ilex* (I), *Q. canariensis* (C) and the hybrids (H)]

### Annex 1. Genetic characterization

DNA was extracted and purified from dried leaves using Invisorb DNA Plant HTS 96 Kit/C. A total of five nuclear microsatellites were used following Moran *et al.* (2016), where primers were dyed labelled (FAM, PET, VIC, NED) and DNA was amplified following Ortego *et al.* (2014). Amplification products were sent to an ABI Genetic Analyzer (ABI, St. Louis, MO) and genotypes were scored using Genemarker (Holland and Parson, 2011).

**Table S1. Allele frequency for the material analysed (5 individuals for each species).**

Locus	Allele	QSU	QAF	QCA	QIL	QH1	QH2	QH3	QH4
<b>MSQ13</b>	<b>190</b>	0,000	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>194</b>	0,000	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>199</b>	0,000	0,000	0,000	0,400	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>203</b>	0,000	0,000	0,000	0,200	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>205</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,500	0,000
	<b>207</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>209</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>214</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>219</b>	0,900	0,000	0,250	0,000	0,500	0,500	0,500	0,000
	<b>223</b>	0,100	1,000	0,375	0,000	0,167	0,500	0,000	1,000
	<b>225</b>	0,000	0,000	0,125	0,000	0,333	0,000	0,000	0,000
<b>ZAG46</b>	<b>180</b>	0,200	0,167	0,000	0,000	0,167	0,000	1,000	0,400
	<b>181</b>	0,000	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,300
	<b>188</b>	0,300	0,000	0,000	0,000	0,333	0,000	0,000	0,000
	<b>190</b>	0,500	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>191</b>	0,000	0,000	0,000	0,250	0,000	0,500	0,000	0,100
	<b>192</b>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000
	<b>193</b>	0,000	0,167	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000
	<b>194</b>	0,000	0,167	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000
	<b>195</b>	0,000	0,333	0,000	0,000	0,000	0,500	0,000	0,200
	<b>200</b>	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>207</b>	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>215</b>	0,000	0,000	0,000	0,250	0,000	0,000	0,000	0,000
<b>ZAG15</b>	<b>103</b>	0,100	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000
	<b>104</b>	0,100	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500	0,100
	<b>108</b>	0,000	0,000	0,750	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>109</b>	0,000	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>110</b>	0,000	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>113</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>114</b>	0,000	0,000	0,000	0,300	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>120</b>	0,200	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,500	0,000
	<b>121</b>	0,100	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000
	<b>123</b>	0,500	0,333	0,000	0,100	0,500	0,000	0,000	0,700
	<b>124</b>	0,000	0,167	0,000	0,200	0,000	0,000	0,000	0,200
	<b>125</b>	0,000	0,333	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>137</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>146</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000

Locus	Allele	QSU	QAF	QCA	QIL	QH1	QH2	QH3	QH4
<b>ZAG112</b>	<b>84</b>	0,000	0,000	0,000	0,750	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>85</b>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,125
	<b>87</b>	0,100	0,833	0,750	0,000	0,500	0,500	0,000	0,750
	<b>88</b>	0,200	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>89</b>	0,000	0,000	0,000	0,250	0,000	0,000	0,000	0,125
	<b>92</b>	0,000	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>97</b>	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>99</b>	0,200	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>101</b>	0,100	0,000	0,000	0,000	0,250	0,000	0,000	0,000
	<b>103</b>	0,400	0,000	0,000	0,000	0,250	0,500	1,000	0,000
<b>ZAG9</b>	<b>218</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>224</b>	1,000	0,833	0,000	0,000	0,833	0,500	0,500	1,000
	<b>230</b>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000
	<b>233</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>234</b>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000
	<b>241</b>	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>243</b>	0,000	0,000	0,000	0,400	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>247</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>248</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,500	0,000
	<b>249</b>	0,000	0,000	1,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000
	<b>255</b>	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000	0,000

## References

- Morán-López T., Robledo-Arnuncio J. J., Díaz M., Morales J. M., Lázaro-Nogal A., Lorenzo Z., Valladares F. 2016. Determinants of functional connectivity of holm oak woodlands: Fragment size and mouse foraging behavior, *Forest Ecology and Management*, 368,111-122 doi.org/10.1016/j.foreco.2016.03.010
- Holland, M. M., Parson, W. 2011. GeneMarker HID: A Reliable Software Tool for the Analysis of Forensic STR Data. *Journal of Forensic Sciences*. 56(1): 29-35. doi.org/10.1111/j.1556-4029.2010.01565.x
- Ortego, J., Bonal, R., Muñoz, A., Aparicio, J.M. 2014. Extensive pollen immigration and no evidence of disrupted mating patterns or reproduction in a highly fragmented holm oak stand. *J. Plant Ecology* 7 (4), 384-395. doi.org/10.1093/jpe/rtt049