

Table S2A. COI-5P sequence divergence within (diagonal) and between (below diagonal) the PSHs shown in Fig. 1. The number of base substitutions per site from averaging over all sequence pairs between PSHs are shown. Analyses were conducted using the Kimura 2-parameter model [1]. In bold, values below an arbitrary 2% cutoff. n/c = not computable.

	PSH1	PSH2	PSH3	PSH4	PSH5	PSH6	PSH7	PSH8	PSH9	PSH10	PSH11	PSH12	PSH13	PSH14	PSH15	PSH16
PSH1	0.002															
PSH2	0.144	n/c														
PSH3	0.141	0.041	n/c													
PSH4	0.168	0.169	0.167	n/c												
PSH5	0.168	0.171	0.169	0.011	n/c											
PSH6	0.167	0.139	0.139	0.057	0.064	n/c										
PSH7	0.166	0.141	0.141	0.056	0.063	0.002	0.002									
PSH8	0.173	0.154	0.156	0.114	0.117	0.123	0.122	0.002								
PSH9	0.168	0.153	0.155	0.109	0.113	0.118	0.118	0.005	n/c							
PSH10	0.185	0.154	0.145	0.158	0.167	0.145	0.144	0.157	0.156	n/c						
PSH11	0.179	0.141	0.141	0.147	0.156	0.138	0.141	0.145	0.145	0.028	0.003					
PSH12	0.192	0.159	0.159	0.146	0.154	0.143	0.142	0.154	0.149	0.081	0.068	0.006				
PSH13	0.156	0.160	0.153	0.151	0.157	0.142	0.141	0.165	0.158	0.135	0.133	0.137	0.004			
PSH14	0.165	0.169	0.157	0.148	0.154	0.146	0.145	0.162	0.155	0.143	0.141	0.145	0.022	n/c		
PSH15	0.198	0.199	0.193	0.192	0.190	0.186	0.185	0.189	0.188	0.186	0.174	0.188	0.189	0.182	n/c	
PSH16	0.180	0.193	0.184	0.188	0.184	0.184	0.183	0.179	0.178	0.182	0.167	0.186	0.185	0.173	0.036	n/c

Table S2B. COI-5P sequence divergence within (diagonal) and between (below diagonal) the SSHs shown in Fig. 2. The number of base substitutions per site from averaging over all sequence pairs between PSHs are shown. Analyses were conducted using the Kimura 2-parameter model [1]. In bold, values below an arbitrary 2% cutoff. n/c = not computable.

	SSH1	SSH2	SSH3	SSH4+5	SSH6+7	SSH8+9	SSH10	SSH11	SSH12	SSH13	SSH14	SSH15	SSH16
SSH1	0.002												
SSH2	0.144	n/c											
SSH3	0.141	0.041	n/c										
SSH4+5	0.168	0.170	0.168	0.011									
SSH6+7	0.167	0.141	0.141	0.060	0.002								
SSH8+9	0.171	0.154	0.156	0.114	0.121	0.004							
SSH10	0.185	0.154	0.145	0.162	0.144	0.157	n/c						
SSH11	0.179	0.141	0.141	0.152	0.140	0.145	0.028	0.003					
SSH12	0.192	0.159	0.159	0.150	0.142	0.152	0.081	0.068	0.006				
SSH13	0.156	0.160	0.153	0.154	0.141	0.163	0.135	0.133	0.137	0.004			
SSH14	0.165	0.169	0.157	0.151	0.145	0.160	0.143	0.141	0.145	0.022	n/c		
SSH15	0.198	0.199	0.193	0.191	0.185	0.188	0.186	0.174	0.188	0.189	0.182	n/c	
SSH16	0.180	0.193	0.184	0.186	0.183	0.179	0.182	0.167	0.186	0.185	0.173	0.036	n/c

[1] Kimura M (1980) A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide-sequences. J Mol Evol 16: 111-120.