

Appendix S6

Genealogical sorting index results

Table 1. Genealogical sorting index results for putative species delimited using bGMYC and Geneland.

Data sets are described in the text. *P* values are based on 10,000 permutations, and are denoted with asterisks. *egsi* = ensemble *gsi*, for nuclear loci only. MtDNA is only reported for the Geneland analyses.

Delimitation	Data set	OTU	BFI	GAPD	ILF3	MLC2A	RAG1	<i>egsi</i>	mtDNA
bGMYC: 2 species	Data set 1	A	0.07	0.45**	0.29*	0.07	0.14	0.20**	
		B	0.15	0.23	0.29*	0.17	0.18	0.20*	
	Data set 2	A	0.07	0.37**	0.14	0.07	0.00	0.13*	
		B	0.23	0.18	0.27*	0.24	0.26	0.24**	
	Data set 3	A	0.00	0.21	0.07	0.07	0.21	0.11	
		B	0.11	0.20	0.29*	0.13	0.21	0.19	
	Data set 4	A	0.14	0.29*	0.21	0.00	0.14	0.16**	
		B	0.17	0.24	0.21	0.21	0.23	0.21*	
	Diploid	A	0.14	0.33**	0.11	0.14	0.00	0.14**	
		B	0.23	0.26*	0.23	0.21	0.20	0.23**	
bGMYC: 17 species	Data set 1	A	0.14	0.24	0.16	0.21	0.19	0.19*	
		B	0.09	0.19	0.14	0.11	0.14	0.13	
		C	0.10	0.16	0.19	0.10	0.15	0.14	
		D	0.15	0.36**	0.25	0.14	0.13	0.21*	
		E	0.12	0.32*	0.16	0.13	0.20	0.19	
		F	0.09	0.49	0.05	0.13	0.05	0.16	
		G	0.11	0.79**	0.36**	0.16	1.00**	0.48**	
		H	0.20	0.34**	0.18	0.17	0.11	0.20*	
		I	0.15	0.13	0.10	0.11	0.10	0.12	
		J	0.09	0.07	0.06	0.24	0.10	0.11	
		K	0.06	0.09	0.10	0.05	0.08	0.07	
		L	0.11	0.05	0.08	0.09	0.09	0.08	
		M	0.05	0.24	0.06	0.11	0.49	0.19	
		N	0.06	0.06	0.06	1.00*	1.00*	0.44*	
		O	0.49	0.06	0.11	1.00	0.09	0.35*	
		Q	1.00*	0.11	0.10	0.07	0.10	0.28	
		Data set 2	A	0.10	0.16	0.08	0.21	0.24	0.16
	B		0.12	0.15	0.22	0.22	0.19	0.18	
	C		0.16	0.11	0.16	0.12	0.19	0.15	
	D		0.14	0.26	0.22	0.26*	0.32*	0.24**	
	E		0.20	0.30*	0.21	0.28*	0.21	0.24**	
	F		0.19	0.11	0.08	0.32	0.07	0.15	
	G		0.19	0.36*	0.20	0.36*	0.54**	0.33**	
	H		0.17	0.31*	0.29*	0.25	0.22	0.25**	
	I		1.00	1.00	0.11	0.49	0.15	0.55**	
	J		1.00*	0.13	0.11	0.49	0.24	0.39*	
	K		0.06	0.10	0.09	0.19	0.15	0.12	
	L		0.15	0.07	0.08	0.09	0.07	0.09	
	M		0.06	0.15	0.19	0.11	0.13	0.13	
	N	0.08	0.09	0.15	0.24	0.32	0.18		
O	0.07	0.04	0.06	0.10	0.07	0.07			
Q	1.00	0.24	0.06	0.08	0.10	0.29			
Data set 3	A	0.10	0.30*	0.08	0.16	0.21	0.17		
	B	0.09	0.19	0.09	0.19	0.15	0.14		
	C	0.09	0.13	0.15	0.08	0.20	0.13		
	D	0.15	0.23	0.18	0.16	0.21	0.19		
	E	0.13	0.30*	0.13	0.16	0.21	0.19		
	F	0.19	0.09	0.06	0.32	0.06	0.14		
	G	0.11	0.29*	0.24	0.16	0.54**	0.27**		
	H	0.17	0.31*	0.17	0.22	0.15	0.20*		
	I	0.15	0.13	0.15	0.10	0.10	0.13		
	J	1.00	0.11	0.15	0.32	0.32	0.38*		
K	0.08	0.10	0.10	0.19	0.19	0.13			

Delimitation	Data set	OTU	BFI	GAPD	ILF3	MLC2A	RAG1	egsi	mtDNA
		L	0.10	0.04	0.08	0.11	0.09	0.08	
		M	0.06	0.24	0.07	0.15	0.49	0.20	
		N	0.06	0.09	0.19	0.32	0.32	0.20	
		O	0.08	0.10	0.32	0.06	0.24	0.16	
		Q	1.00*	0.24	0.05	0.09	0.09	0.29	
	Data set 4	A	0.15	0.24	0.09	0.16	0.21	0.17	
		B	0.17	0.15	0.12	0.17	0.17	0.15	
		C	0.11	0.14	0.14	0.11	0.14	0.13	
		D	0.20	0.21	0.15	0.30	0.18	0.21*	
		E	0.16	0.28*	0.24	0.16	0.13	0.19*	
		F	0.19	0.11	0.06	0.32	0.07	0.15	
		G	0.07	1.00**	0.22	0.14	0.65**	0.42**	
		H	0.18	0.34**	0.18	0.27*	0.20	0.23**	
		I	0.11	0.13	0.24	0.09	0.07	0.13	
		J	0.07	0.06	0.05	0.19	0.10	0.09	
		K	0.06	0.10	0.09	0.15	0.24	0.13	
		L	0.15	0.07	0.08	0.08	0.09	0.09	
		M	0.05	0.15	0.06	0.11	1.00*	0.27	
		N	0.08	0.09	0.13	1.00*	0.24	0.31*	
		O	1.00*	0.07	0.15	1.00	0.09	0.46*	
		Q	1.00*	0.32	0.08	0.09	0.11	0.32*	
	Diploid	A	0.14	0.25*	0.14	0.25**	0.27**	0.21**	
		B	0.15	0.24*	0.18	0.17	0.16	0.18*	
		C	0.15	0.16	0.17	0.11	0.14	0.15	
		D	0.19	0.31**	0.19	0.25**	0.23	0.24**	
		E	0.17	0.34**	0.20	0.25**	0.28**	0.25**	
		F	0.18	0.12	0.14	0.17	0.15	0.15*	
		G	0.13	0.44**	0.26**	0.22*	0.73**	0.36**	
		H	0.21	0.45**	0.24*	0.25**	0.18	0.26**	
		I	0.28**	0.28*	0.17	0.12	0.15	0.20**	
		J	0.15	0.13	0.09	0.11	0.09	0.11	
		K	0.08	0.14	0.16	0.10	0.12	0.12	
		L	0.17	0.08	0.20	0.17	0.11	0.15	
		M	0.08	0.21*	0.10	0.12	0.26*	0.16*	
		N	0.12	0.11	0.13	0.42**	0.16	0.19**	
		O	0.12	0.11	0.11	0.12	0.12	0.11	
		Q	1.00**	0.10	0.09	0.10	0.10	0.28**	
Geneland: 3 species	mtDNA + Data set 1	A	0.08	0.50**	0.12	0.12	0.20	0.20**	0.20
		B	0.12	0.36**	0.26	0.31*	0.22	0.24**	0.17
		C	0.21	0.40**	0.18	0.24	0.13	0.22**	0.18
	mtDNA + Data set 2	A	0.16	0.55**	0.20	0.20	0.39**	0.29**	0.20
		B	0.22	0.38**	0.38**	0.24	0.66**	0.34**	0.17
		C	0.20	0.38**	0.29*	0.44**	0.26**	0.29**	0.18
	mtDNA + Data set 3	A	0.16	0.50**	0.12	0.20	0.39**	0.26**	0.20
		B	0.19	0.34**	0.31*	0.31*	0.48**	0.30**	0.17
		C	0.18	0.27*	0.20	0.29*	0.18	0.22**	0.18
	mtDNA + Data set 4	A	0.08	0.50**	0.16	0.08	0.34**	0.23**	0.20
		B	0.12	0.28*	0.22	0.22	0.28*	0.21**	0.17
		C	0.20	0.37**	0.22	0.29*	0.17	0.24**	0.18
	Diploid	A	0.14	0.58**	0.16	0.18	0.32**	0.28**	
		B	0.19	0.37**	0.25*	0.29**	0.33**	0.29**	
		C	0.23	0.44**	0.24*	0.32**	0.21*	0.29**	

* $P < 0.01$

** $P < 0.001$