

Supplementary information
Table S1

Phylogenetic analyses of distantly related clades of bent-toed geckos (genus *Cyrtodactylus*) reveal an unprecedented amount of cryptic diversity in northern and western Thailand

Siriwadee Chomdej^{1,2*}, Waranee Pradit¹, Chatmongkon Suwannapoom³, Parinya Pawangkhanant³, Korakot Nganvongpanit^{4,5}, Nikolay A. Poyarkov^{6,7}, Jing Che^{8,9}, Yangchun Gao¹⁰, Shiping Gong^{10*}

Table S1 Interspecific uncorrected p-distance (percentage) based on the sequences of *ND2* gene (below the diagonal line) and intraspecific p-distance (on the diagonal line) of *Cyrtodactylus* species in phylogenetic analysis.

	Species	outgroup	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	outgroups	0.56																				
1	<i>Cyrtodactylus inthanon</i>	0.52	0.00																			
2	<i>Cyrtodactylus</i> sp5	0.58	0.23	0.00																		
3	<i>Cyrtodactylus sanook</i>	0.53	0.24	0.24	0.00																	
4	<i>Cyrtodactylus brevipalmatus</i>	0.54	0.31	0.31	0.31	-																
5	<i>Cyrtodactylus saiyok</i> (Suan Phueng)	0.54	0.24	0.24	0.18	0.31	-															
6	<i>Cyrtodactylus saiyok</i>	0.55	0.24	0.25	0.18	0.31	0.05	0.00														
7	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 2	0.53	0.05	0.21	0.25	0.31	0.24	0.25	0.00													
8	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 10	0.53	0.31	0.32	0.30	0.19	0.29	0.30	0.30	-												
9	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 1	0.52	0.05	0.22	0.25	0.31	0.25	0.24	0.05	0.30	0.02											
10	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 3	0.52	0.13	0.25	0.27	0.31	0.29	0.28	0.13	0.31	0.13	0.00										
11	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 6	0.52	0.21	0.14	0.25	0.29	0.22	0.23	0.21	0.29	0.22	0.20	-									
12	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 9	0.53	0.31	0.33	0.32	0.21	0.30	0.31	0.30	0.07	0.31	0.32	0.30	0.00								
13	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 7	0.52	0.23	0.23	0.10	0.30	0.16	0.17	0.22	0.28	0.23	0.25	0.22	0.30	0.00							
14	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 8	0.50	0.22	0.22	0.13	0.30	0.16	0.17	0.21	0.29	0.22	0.23	0.20	0.30	0.12	0.01						
15	<i>Cyrtodactylus doisuthep</i>	0.53	0.20	0.01	0.23	0.30	0.23	0.23	0.20	0.30	0.21	0.23	0.13	0.31	0.21	0.20	-					
16	<i>Cyrtodactylus dumnuui</i>	0.50	0.20	0.18	0.23	0.30	0.22	0.23	0.18	0.31	0.20	0.21	0.17	0.32	0.20	0.21	0.16	0.00				
17	<i>Cyrtodactylus tigroides</i>	0.52	0.23	0.24	0.25	0.32	0.25	0.26	0.23	0.30	0.23	0.23	0.21	0.31	0.24	0.23	0.22	0.21	0.08			
18	<i>Cyrtodactylus erythropros</i>	0.51	0.21	0.14	0.25	0.29	0.22	0.23	0.20	0.30	0.21	0.21	0.07	0.31	0.22	0.20	0.12	0.16	0.21	-		
19	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 4	0.52	0.17	0.22	0.26	0.32	0.25	0.24	0.17	0.31	0.18	0.18	0.21	0.31	0.23	0.23	0.20	0.21	0.23	0.20	-	
20	<i>Cyrtodactylus welpyanensis</i>	0.53	0.09	0.23	0.25	0.31	0.26	0.27	0.07	0.30	0.08	0.13	0.22	0.30	0.24	0.22	0.21	0.18	0.22	0.21	0.17	0.00
21	<i>Cyrtodactylus sineyineensis</i>	0.54	0.12	0.24	0.26	0.33	0.27	0.28	0.11	0.30	0.12	0.15	0.22	0.32	0.23	0.23	0.22	0.20	0.25	0.23	0.19	0.10
22	<i>Cyrtodactylus dammathetensis</i>	0.51	0.14	0.24	0.28	0.31	0.28	0.29	0.13	0.30	0.13	0.12	0.20	0.30	0.26	0.24	0.22	0.21	0.22	0.20	0.17	0.13
23	<i>Cyrtodactylus aequalis</i>	0.54	0.13	0.24	0.27	0.32	0.28	0.28	0.13	0.31	0.13	0.06	0.20	0.32	0.25	0.23	0.22	0.19	0.24	0.19	0.17	0.12
24	<i>Cyrtodactylus auribalteatus</i>	0.50	0.20	0.16	0.22	0.29	0.23	0.23	0.21	0.29	0.21	0.22	0.16	0.29	0.19	0.20	0.15	0.14	0.21	0.16	0.20	0.19

Table S1 (Continued) Interspecific uncorrected p-distance (percentage) based on the sequences of *ND2* gene (below the diagonal line) and intraspecific p-distance (on the diagonal line) of *Cyrtodactylus* species in phylogenetic analysis.

	Species	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41
	outgroups																					
1	<i>Cyrtodactylus inthanon</i>																					
2	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 5																					
3	<i>Cyrtodactylus sanook</i>																					
4	<i>Cyrtodactylus brevipalmatus</i>																					
5	<i>Cyrtodactylus saiyok</i> (Suan Phueng)																					
6	<i>Cyrtodactylus saiyok</i>																					
7	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 2																					
8	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 10																					
9	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 1																					
10	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 3																					
11	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 6																					
12	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 9																					
13	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 7																					
14	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 8																					
15	<i>Cyrtodactylus doisuthep</i>																					
16	<i>Cyrtodactylus dumnuii</i>																					
17	<i>Cyrtodactylus tigroides</i>																					
18	<i>Cyrtodactylus erythropros</i>																					
19	<i>Cyrtodactylus</i> sp. 4																					
20	<i>Cyrtodactylus welpyanensis</i>																					
21	<i>Cyrtodactylus sineyineensis</i>	0.00																				
22	<i>Cyrtodactylus dammathetensis</i>	0.16	0.00																			
23	<i>Cyrtodactylus aequalis</i>	0.15	0.11	0.00																		
24	<i>Cyrtodactylus aurtibalteatus</i>	0.22	0.21	0.21	-																	

Table S1 (Continued) Interspecific uncorrected p-distance (percentage) based on the sequences of *ND2* gene (below the diagonal line) and intraspecific p-distance (on the diagonal line) of *Cyrtodactylus* species in phylogenetic analysis.

	Species	outgroup	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
25	<i>Cyrtodactylus tigroides</i> (AP018116)	0.56	0.27	0.28	0.10	0.34	0.18	0.19	0.27	0.33	0.27	0.28	0.26	0.33	0.13	0.15	0.25	0.25	0.28	0.25	0.27	0.27
26	<i>Cyrtodactylus lenya</i>	0.53	0.25	0.25	0.20	0.31	0.20	0.19	0.25	0.30	0.25	0.28	0.22	0.30	0.20	0.18	0.23	0.23	0.25	0.22	0.25	0.24
27	<i>Cyrtodactylus oldhami</i> (captive)	0.52	0.24	0.25	0.12	0.33	0.16	0.17	0.24	0.30	0.25	0.25	0.25	0.31	0.10	0.14	0.24	0.24	0.25	0.24	0.24	0.25
28	<i>Cyrtodactylus oldhami</i> (Phang-Nga)	0.52	0.24	0.26	0.08	0.33	0.17	0.20	0.24	0.30	0.24	0.28	0.24	0.31	0.10	0.13	0.23	0.24	0.25	0.23	0.24	0.26
29	<i>Cyrtodactylus oldhami</i> (Ranong)	0.52	0.24	0.24	0.08	0.32	0.16	0.18	0.23	0.30	0.24	0.25	0.23	0.30	0.11	0.12	0.22	0.23	0.24	0.22	0.24	0.23
30	<i>Cyrtodactylus payarhtanensis</i>	0.55	0.25	0.24	0.09	0.32	0.17	0.17	0.26	0.31	0.25	0.28	0.25	0.33	0.12	0.12	0.24	0.25	0.26	0.24	0.27	0.24
31	<i>Cyrtodactylus thirakhupti</i>	0.52	0.22	0.24	0.08	0.31	0.17	0.19	0.22	0.28	0.23	0.26	0.22	0.31	0.10	0.13	0.21	0.22	0.23	0.21	0.23	0.24
32	<i>Cyrtodactylus linnoensis</i>	0.51	0.25	0.27	0.22	0.33	0.25	0.26	0.25	0.31	0.25	0.26	0.24	0.33	0.23	0.22	0.24	0.24	0.26	0.22	0.25	0.25
33	<i>Cyrtodactylus sadanensis</i>	0.49	0.23	0.24	0.21	0.31	0.23	0.24	0.23	0.30	0.23	0.22	0.21	0.32	0.21	0.20	0.22	0.21	0.23	0.22	0.23	0.23
34	<i>Cyrtodactylus yathepyanensis</i>	0.50	0.24	0.25	0.24	0.32	0.25	0.24	0.24	0.31	0.24	0.25	0.24	0.32	0.23	0.21	0.24	0.23	0.26	0.23	0.24	0.24
35	<i>Cyrtodactylus sadansinensis</i>	0.49	0.23	0.25	0.25	0.30	0.24	0.26	0.24	0.29	0.24	0.23	0.21	0.31	0.23	0.23	0.23	0.22	0.24	0.20	0.23	0.23
36	<i>Cyrtodactylus pharbaungensis</i>	0.50	0.22	0.25	0.24	0.29	0.25	0.27	0.22	0.28	0.21	0.23	0.21	0.29	0.23	0.24	0.23	0.21	0.23	0.19	0.22	0.21
37	<i>Cyrtodactylus sanpelensis</i>	0.49	0.22	0.23	0.23	0.28	0.23	0.25	0.23	0.29	0.23	0.23	0.21	0.29	0.22	0.22	0.22	0.21	0.23	0.19	0.22	0.22
38	<i>Cyrtodactylus linnwayensis</i>	0.53	0.26	0.30	0.28	0.30	0.28	0.29	0.25	0.29	0.27	0.28	0.26	0.31	0.28	0.26	0.27	0.24	0.25	0.25	0.26	0.25
39	<i>Cyrtodactylus shwetaungorum</i>	0.51	0.27	0.28	0.29	0.30	0.28	0.30	0.27	0.31	0.28	0.29	0.26	0.33	0.27	0.26	0.26	0.25	0.26	0.26	0.28	0.26
40	<i>Cyrtodactylus elok</i>	0.56	0.33	0.33	0.32	0.22	0.32	0.32	0.34	0.23	0.34	0.35	0.31	0.24	0.32	0.32	0.31	0.33	0.35	0.30	0.34	0.33
41	<i>Cyrtodactylus interdigitalis</i>	0.53	0.33	0.33	0.33	0.22	0.32	0.32	0.32	0.09	0.32	0.34	0.31	0.08	0.32	0.32	0.31	0.32	0.33	0.31	0.32	0.31

Table S1 (Continued) Interspecific uncorrected p-distance (percentage) based on the sequences of *ND2* gene (below the diagonal line) and intraspecific p-distance (on the diagonal line) of *Cyrtodactylus* species in phylogenetic analysis.

	Species	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	
25	<i>Cyrtodactylus tigroides</i> (AP018116)	0.28	0.30	0.28	0.24	-																	
26	<i>Cyrtodactylus lenya</i>	0.27	0.27	0.27	0.23	0.22	0.00																
27	<i>Cyrtodactylus oldhami</i> (captive)	0.26	0.27	0.25	0.22	0.14	0.21	-															
28	<i>Cyrtodactylus oldhami</i> (Phang-Nga)	0.26	0.28	0.28	0.21	0.11	0.20	0.12	-														
29	<i>Cyrtodactylus oldhami</i> (Ranong)	0.25	0.28	0.25	0.22	0.04	0.20	0.12	0.08	-													
30	<i>Cyrtodactylus payarhtanensis</i>	0.27	0.30	0.29	0.23	0.11	0.20	0.13	0.10	0.08	0.00												
31	<i>Cyrtodactylus thirakhupti</i>	0.25	0.25	0.26	0.21	0.10	0.18	0.12	0.08	0.08	0.09	0.01											
32	<i>Cyrtodactylus linnoensis</i>	0.27	0.25	0.26	0.24	0.25	0.25	0.24	0.23	0.24	0.23	0.22	0.00										
33	<i>Cyrtodactylus sadanensis</i>	0.24	0.23	0.23	0.20	0.24	0.23	0.23	0.21	0.22	0.21	0.20	0.08	0.00									
34	<i>Cyrtodactylus yathepyanensis</i>	0.25	0.25	0.26	0.23	0.25	0.25	0.25	0.23	0.24	0.24	0.23	0.11	0.10	0.01								
35	<i>Cyrtodactylus sadansinensis</i>	0.25	0.24	0.24	0.21	0.28	0.24	0.25	0.24	0.25	0.24	0.23	0.22	0.21	0.22	0.00							
36	<i>Cyrtodactylus pharbaungensis</i>	0.24	0.23	0.23	0.21	0.27	0.22	0.26	0.24	0.24	0.23	0.22	0.22	0.20	0.22	0.10	0.00						
37	<i>Cyrtodactylus sanpelensis</i>	0.25	0.24	0.23	0.20	0.24	0.21	0.24	0.22	0.22	0.22	0.21	0.22	0.19	0.21	0.10	0.06	0.00					
38	<i>Cyrtodactylus linnwayensis</i>	0.28	0.28	0.27	0.25	0.32	0.28	0.28	0.28	0.29	0.30	0.27	0.25	0.24	0.25	0.25	0.24	0.25	0.00				
39	<i>Cyrtodactylus shwetaungorum</i>	0.29	0.28	0.29	0.24	0.31	0.27	0.29	0.29	0.29	0.29	0.28	0.26	0.24	0.26	0.25	0.25	0.25	0.06	0.00			
40	<i>Cyrtodactylus elok</i>	0.36	0.33	0.34	0.29	0.36	0.32	0.33	0.32	0.33	0.33	0.32	0.34	0.33	0.34	0.33	0.30	0.32	0.31	0.32	-		
41	<i>Cyrtodactylus interdigitalis</i>	0.34	0.32	0.33	0.30	0.36	0.31	0.33	0.32	0.33	0.34	0.32	0.35	0.34	0.34	0.32	0.30	0.31	0.32	0.33	0.23	0.02	