

Supplementary Material 11. Nucleotide divergence and divergence time between lineages.

Lineage ^{*1}	B	C	C1	C2	D	D1	D2	D3	F	G	H	I	<i>Ss</i>	<i>Ss</i> -J1	<i>Ss</i> -J2	L	<i>Sk</i>
B	--	11.9	12.3	12.0	12.3	12.7	12.6	12.1	14.6	15.6	10.7	14.4	17.4	17.6	17.4	10.2	11.1
C	0.100	--	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	13.3	13.7	13.7	13.0	15.0	16.4	13.0	15.8	17.9	18.0	18.0	12.6	12.6
C1	0.103	<i>n.a.</i>	--	0.6	13.7	14.0	14.0	13.3	15.1	16.7	13.1	16.0	17.9	18.0	18.1	12.7	12.9
C2	0.101	<i>n.a.</i>	0.005	--	13.3	13.7	13.7	13.1	15.0	16.5	13.1	16.0	18.0	18.1	18.1	12.7	12.6
D	0.103	0.112	0.115	0.112	--	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	14.9	16.4	12.7	15.2	17.4	17.5	17.6	13.0	13.5
D1	0.107	0.115	0.118	0.115	<i>n.a.</i>	--	1.1	1.5	15.2	16.9	13.1	15.6	17.7	17.9	18.0	13.2	13.8
D2	0.106	0.115	0.118	0.115	<i>n.a.</i>	0.009	--	1.3	15.2	16.7	13.1	15.6	17.6	17.9	17.9	13.3	13.8
D3	0.102	0.109	0.112	0.110	<i>n.a.</i>	0.013	0.011	--	15.1	16.7	13.1	15.5	17.4	17.5	17.5	13.2	13.8
F	0.123	0.126	0.127	0.126	0.125	0.128	0.128	0.127	--	17.4	15.0	16.5	18.3	18.5	18.6	15.1	15.0
G	0.131	0.138	0.140	0.139	0.138	0.142	0.140	0.140	0.146	--	17.0	16.9	19.5	19.9	19.6	16.4	17.1
H	0.090	0.109	0.110	0.110	0.107	0.110	0.110	0.110	0.126	0.143	--	16.0	17.6	17.7	17.9	7.1	5.1
I	0.121	0.133	0.134	0.134	0.128	0.131	0.131	0.130	0.139	0.142	0.134	--	16.3	16.5	16.4	15.6	16.1
<i>Ss</i>	0.146	0.150	0.150	0.151	0.146	0.149	0.148	0.146	0.154	0.164	0.148	0.137	--	<i>n.a.</i>	<i>n.a.</i>	17.9	17.1
<i>Ss</i> -J1	0.148	0.151	0.151	0.152	0.147	0.150	0.150	0.147	0.155	0.167	0.149	0.139	<i>n.a.</i>	--	0.7	18.0	17.4
<i>Ss</i> -J2	0.146	0.151	0.152	0.152	0.148	0.151	0.150	0.147	0.156	0.165	0.150	0.138	<i>n.a.</i>	0.006	--	18.1	17.4
L	0.086	0.106	0.107	0.107	0.109	0.111	0.112	0.111	0.127	0.138	0.060	0.131	0.150	0.151	0.152	--	6.2
<i>Sk</i>	0.093	0.106	0.108	0.106	0.113	0.116	0.116	0.116	0.126	0.144	0.043	0.135	0.144	0.146	0.146	0.052	--

The estimates of nucleotide divergence represented by D_a (number of net nucleotide substitutions per site between populations; Nei 1987) are given below diagonal, and divergence times (Myr) estimated based on the D_a values combined with a per-lineage molecular clock rate (4.2×10^{-6} substitutions per site per kyr; see main text) are shown above diagonal. *n.a.*: not analyzed (in Lineages C, D, and *S. spathulata*, comparisons between its sublineages and the parental lineage were omitted).

^{*1}*Ss* and *Sk* denote *S. spathulata* and *S. kegaki*, respectively.