

**Table S2.** The partitions of the mitochondrial and nuclear genome sequences identified by Partition Finder for analysis run in MrBayes and RaxML.

Method	Partition	Best Model	Subset Partitions	Subset Sites
MrBayes	p1	GTR+I+G	12s	1-510
	p2	K80+I	bdnf (p2), bdnf (p1)	512-1220\3, 511-1220\3
	p3	K80+I+G	bdnf (p3)	513-1220\3
	p4	HKY+G	cmos (p1)	1221-1806\3
	p5	K80+I+G	nt3 (p3), nt3 (p2), cmos (p2), cmos (p3)	3913-4433\3, 3912-4433\3, 1222-1806\3, 1223-1806\3
	p6	F81+I+G	coi (p1)	1807-2913\3
	p7	GTR+G	coi (p2)	1808-2913\3
	p8	SYM+I+G	coi (p3)	1809-2913\3
	p9	GTR+G	cytb (p1)	2914-3910\3
	p10	GTR+G	cytb (p2)	2915-3910\3
	p11	HKY+G	cytb (p3)	2916-3910\3
	p12	HKY+G	nt3 (p1)	3911-4433\3
RAxML	p1	GTR+G	12s	1-510
	p2	GTR+G	bdnf (1)	511-1220\3
	p3	GTR+G	bdnf (2), cmos (3)	512-1220\3, 1223-1806\3
	p4	GTR+G	bdnf (3)	513-1220\3
	p5	GTR+G	cmos (1)	1221-1806\3
	p6	GTR+G	cmos (2), nt3 (3)	1222-1806\3, 3913-4433\3
	p7	GTR+G	coi (1)	1807-2913\3
	p8	GTR+G	coi (2)	1808-2913\3
	p9	GTR+G	coi (3)	1809-2913\3
	p10	GTR+G	cytb (1)	2914-3910\3
	p11	GTR+G	cytb (2)	2915-3910\3
	p12	GTR+G	cytb (3)	2916-3910\3
	p13	GTR+G	nt3 (1)	3911-4433\3
	p14	GTR+G	nt3 (2)	3912-4433\3