

Appendix K. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models of all haplotypes

Model	BIC	lnL	Invariant	Gamma	R	Freq A	Freq T	Freq C	Freq G
T92+G+I	184267.5	-57448.6	0.1456	0.4621	17.3846	0.3075	0.3075	0.1925	0.1925
T92+G	184275.7	-57459.6	n/a	0.3830	17.4014	0.3075	0.3075	0.1925	0.1925
HKY+G+I	184315.9	-57459.0	0.1257	0.4354	17.0165	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
HKY+G	184323.4	-57469.7	n/a	0.3884	17.0420	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
TN93+G+I	184327.6	-57458.0	0.1273	0.4364	17.0027	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
GTR+G+I	184336.7	-57441.7	0.1275	0.4383	17.0385	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
K2+G+I	184339.8	-57491.7	0.2307	0.6165	21.7039	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
GTR+G	184344.2	-57452.4	n/a	0.3882	17.0612	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
TN93+G	184357.8	-57480.0	n/a	0.3814	17.3835	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
K2+G	184435.9	-57546.7	n/a	0.3945	20.9950	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
HKY+I	232874.2	-81745.0	0.2544	n/a	15.6919	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
GTR+I	232884.7	-81722.7	0.2544	n/a	15.5934	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
TN93+I	232885.7	-81743.9	0.2544	n/a	15.6808	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
T92+I	232934.7	-81789.2	0.2544	n/a	15.8010	0.3075	0.3075	0.1925	0.1925
K2+I	233005.9	-81831.6	0.2544	n/a	15.5865	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC+G+I	233809	-82233.2	0.1506	0.4945	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC+G	233825.4	-82248.3	n/a	0.4198	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
HKY	234734.6	-82682.2	n/a	n/a	15.5728	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
GTR	234737.7	-82656.1	n/a	n/a	15.5361	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
TN93	234738	-82677.0	n/a	n/a	15.5735	0.3145	0.3005	0.2231	0.1619
T92	234832	-82744.7	n/a	n/a	15.5669	0.3075	0.3075	0.1925	0.1925
K2	277272.6	-103971.9	n/a	n/a	18.0949	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC+I	302588.6	-116629.9	0.2544	n/a	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC	346573.6	-138629.3	n/a	n/a	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500