

Appendix M. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models of haplogroup E

Model	BIC	lnL	Invariant	Gamma	R	Freq A	Freq T	Freq C	Freq G
T92+G+I	10015.8	-3154.8	0.5618	0.5210	19.6645	0.3082	0.3082	0.1918	0.1918
HKY+G+I	10025.5	-3148.6	0.5716	0.5558	19.2741	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
TN93+G+I	10029.6	-3145.1	0.5612	0.5116	19.9704	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
K2+G+I	10030.8	-3167.8	0.5726	0.5065	19.7559	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
GTR+G+I	10049.1	-3138.3	0.5595	0.5057	20.3571	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
T92+G	10053.0	-3178.9	n/a	0.1810	19.5495	0.3082	0.3082	0.1918	0.1918
K2+G	10060.1	-3188.0	n/a	0.1677	19.7176	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
HKY+G	10079.1	-3180.9	n/a	0.1834	19.2634	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
TN93+G	10089.1	-3180.4	n/a	0.1759	19.5664	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
GTR+G	10091.5	-3165.0	n/a	0.1752	19.4284	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
T92+I	10248.8	-3276.8	0.6819	n/a	17.6581	0.3082	0.3082	0.1918	0.1918
HKY+I	10255.6	-3269.1	0.6809	n/a	17.3809	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
TN93+I	10261.5	-3266.6	0.6795	n/a	17.3527	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
GTR+I	10283.4	-3260.9	0.6790	n/a	17.9750	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
K2+I	10300.2	-3308.0	0.6830	n/a	17.1149	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC+G+I	10955.4	-3635.6	0.5778	0.5845	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC+G	10982.7	-3654.8	n/a	0.1806	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
HKY	11072.4	-3683.1	n/a	n/a	16.1176	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
T92	11075.1	-3695.5	n/a	n/a	16.0930	0.3082	0.3082	0.1918	0.1918
GTR	11088.7	-3669.1	n/a	n/a	16.0714	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
TN93	11101.4	-3692.0	n/a	n/a	16.1224	0.3162	0.3001	0.2206	0.1630
K2	11108.3	-3717.6	n/a	n/a	16.0582	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC+I	11198.1	-3762.5	0.6826	n/a	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500
JC	11988.4	-4163.2	n/a	n/a	0.5000	0.2500	0.2500	0.2500	0.2500