

Table S4. Results of the test for substitution saturation.

Gene	Partition	<i>I</i> <i>ss</i>	<i>I</i> <i>ss.c</i>	<i>p</i> score	Aligned length	C	V	Pi	S
<i>nd2</i>	<i>1st</i>	1.03	0.69	0.00	353	25	326	297	25
	<i>2nd</i>	0.91	0.69	0.00	353	50	301	252	49
<i>cox1</i>	<i>1st</i>	0.26	0.70	0.00	514	320	192	168	24
	<i>2nd</i>	0.13	0.70	0.00	514	430	82	66	16
<i>cox2</i>	<i>1st</i>	0.42	0.69	0.00	228	91	137	124	13
	<i>2nd</i>	0.22	0.69	0.00	228	145	83	65	18
<i>atp8</i>	<i>1st</i>	1.18	1.16	0.43	58	8	49	48	1
	<i>2nd</i>	1.14	1.16	0.92	58	8	49	49	0
<i>atp6</i>	<i>1st</i>	0.55	0.69	0.02	225	61	163	150	13
	<i>2nd</i>	0.37	0.69	0.00	225	109	115	101	14
<i>cox3</i>	<i>1st</i>	0.37	0.68	0.00	264	113	151	126	25
	<i>2nd</i>	0.25	0.68	0.00	264	79	185	88	97
<i>nd3</i>	<i>1st</i>	0.59	0.82	0.01	121	32	85	83	2
	<i>2nd</i>	0.38	0.82	0.00	121	47	70	62	8
<i>nd5</i>	<i>1st</i>	0.77	0.71	0.14	582	94	485	459	26
	<i>2nd</i>	0.65	0.71	0.16	582	154	425	378	47
<i>nd4</i>	<i>1st</i>	0.86	0.70	0.00	453	81	369	355	14
	<i>2nd</i>	0.75	0.70	0.42	453	129	321	293	28
<i>nd4l</i>	<i>1st</i>	1.12	0.77	0.01	114	11	94	89	5
	<i>2nd</i>	1.09	0.77	0.04	114	20	86	72	13
<i>nd6</i>	<i>1st</i>	1.04	0.70	0.00	179	11	166	157	7
	<i>2nd</i>	0.99	0.70	0.01	179	36	141	127	12
<i>cytb</i>	<i>1st</i>	0.25	0.68	0.00	380	167	212	182	30
	<i>2nd</i>	0.22	0.68	0.00	380	241	138	102	36
<i>nd1</i>	<i>1st</i>	0.67	0.68	0.87	320	90	225	205	16
	<i>2nd</i>	0.52	0.68	0.03	320	128	187	149	32

*I**ss*: estimated index of substitution saturation for the data set. *I**ss.c*: critical values for the index of substitution saturation. *I**ss* > *I**ss.c* ($P < 0.05$) indicates saturation. C: conserved sites, V: variable sites Pi: parsimony informative sites, S: singleton sites, 1st: the first codon position, 2nd: the second codon position.