

# Supplementary Materials

Algae 2020, 35(2): 157-165

<https://doi.org/10.4490/algae.2020.35.5.31>

Open Access



**Supplementary Table S1.** The selected model for the maximum likelihood (ML) and Bayesian inference (BI) analyses

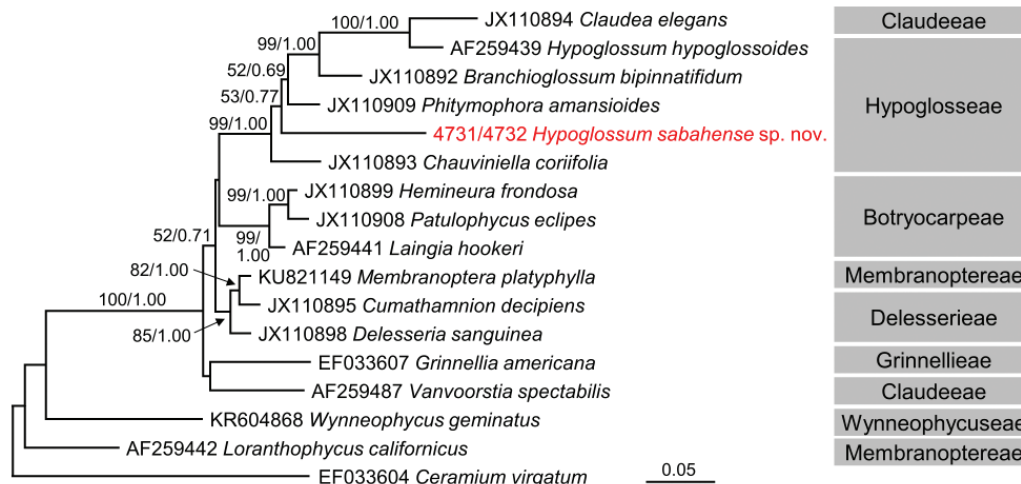
Data set	ML	BI
<i>rbcl</i> (1st codon)	GTR + G	GTR + G
<i>rbcl</i> (2nd codon)	GTR + G	GTR + AG <sup>a</sup>
<i>rbcl</i> (3rd codon)	J2 + G	HKY85 + G
LSU	GTR + G	GTR + G
COI (1st codon)	AICc4 + G	GTR + G
COI (2nd codon)	J3 + 8	SYM + G
COI (3rd codon)	J1 + G	F81 + G

<sup>a</sup>Autocorrelated discrete gamma.

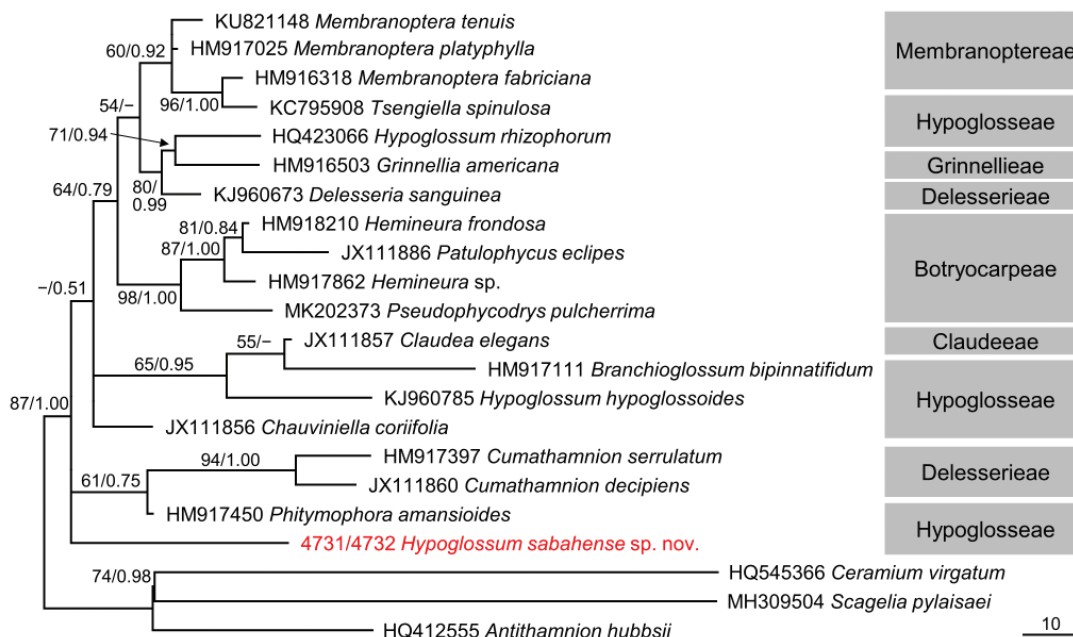
**Supplementary Table S2.** Pairwise genetic distances calculated using Maximum Composite Likelihood method

Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
1 <i>Claudea elegans</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2 <i>Claudea batanensis</i>	0.040	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3 <i>Zellera tawallina</i>	0.064	0.048	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4 <i>Branchioglossum bipinnatifidum</i>	0.076	0.055	0.066	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5 <i>Hypoglossum hypoglossoides</i>	0.069	0.057	0.064	0.064	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6 <i>Hypoglossum anomalum</i>	0.082	0.061	0.061	0.078	0.075	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7 <i>Hypoglossum sabahense</i> sp. nov.	0.079	0.069	0.066	0.081	0.071	<b>0.028</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8 <i>Chauviniella coriifolia</i>	0.085	0.072	0.071	0.082	0.072	0.062	0.063	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9 <i>Bartoniella crenata</i>	0.094	0.078	0.074	0.094	0.084	0.074	0.079	0.081	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10 <i>Phitymophora linearis</i>	0.091	0.083	0.080	0.082	0.071	0.080	0.078	0.075	0.092	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11 <i>Phitymophora amansioides</i>	0.089	0.071	0.077	0.079	0.070	0.072	0.072	0.072	0.078	0.038	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12 <i>Patulophycus eclipses</i>	0.107	0.089	0.090	0.096	0.095	0.097	0.085	0.087	0.098	0.092	0.092	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13 <i>Hemineura frondosa</i>	0.104	0.097	0.092	0.097	0.092	0.108	0.091	0.087	0.103	0.094	0.097	0.024	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14 <i>Pseudophycodrys phyllophora</i>	0.109	0.102	0.095	0.093	0.081	0.081	0.086	0.088	0.101	0.091	0.087	0.058	0.061	-	-	-	-	-	-	-	-
15 <i>Membranoptera alata</i>	0.107	0.103	0.108	0.105	0.098	0.105	0.100	0.097	0.111	0.102	0.103	0.101	0.097	0.100	-	-	-	-	-	-	-
16 <i>Cumathamnion decipiens</i>	0.108	0.092	0.090	0.095	0.085	0.092	0.093	0.088	0.100	0.093	0.091	0.085	0.085	0.081	0.069	-	-	-	-	-	-
17 <i>Delesseria sanguinea</i>	0.097	0.091	0.094	0.093	0.083	0.090	0.091	0.088	0.103	0.097	0.096	0.093	0.090	0.081	0.077	0.071	-	-	-	-	-
18 <i>Vanvoorstia spectabilis</i>	0.108	0.082	0.095	0.099	0.098	0.102	0.095	0.096	0.110	0.108	0.101	0.092	0.092	0.098	0.119	0.102	0.106	-	-	-	-
19 <i>Grinnellia americana</i>	0.087	0.073	0.074	0.081	0.075	0.070	0.068	0.072	0.085	0.078	0.076	0.071	0.077	0.071	0.092	0.072	0.070	0.087	-	-	-
20 <i>Ceramium virgatum</i>	0.157	0.141	0.156	0.163	0.156	0.159	0.158	0.155	0.161	0.172	0.155	0.156	0.161	0.160	0.177	0.159	0.167	0.152	0.147	-	-
21 <i>Reinboldiella warburgii</i>	0.141	0.133	0.140	0.144	0.137	0.127	0.133	0.149	0.141	0.141	0.137	0.140	0.147	0.147	0.166	0.142	0.159	0.143	0.124	0.103	-
22 <i>Antithamnion defectum</i>	0.143	0.129	0.136	0.139	0.131	0.126	0.138	0.146	0.145	0.150	0.147	0.147	0.153	0.148	0.173	0.152	0.155	0.142	0.135	0.126	0.115

The genetic distance between *Hypoglossum anomalum* and *H. sabahense* sp. nov. is in bold.



**Supplementary Fig. S1.** Maximum likelihood (ML) phylogeny of the Delesserioideae inferred from partial large subunit ribosomal DNA sequences. Bootstrap values for ML (>50%; left) and posterior probabilities for Bayesian inference (>0.5; right) are given on each branch. The scale is in units of nucleotide substitutions per site.



**Supplementary Fig. S2.** Maximum likelihood (ML) phylogeny of the Delesserioideae inferred from partial cytochrome c oxidase subunit I gene sequences. Bootstrap values for ML (>50%; left) and posterior probabilities for Bayesian inference (>0.5; right) are given on each branch. The scale is in units of nucleotide substitutions per site.