

Supplement 1.

Intra and interspecific genetic p-distances of the *Myrsidea* species

addressed in the manuscript Diversity and host associations of *Myrsidea* chewing lice (Phthiraptera: Menoponidae) in the tropical rainforest of Malaysian Borneo

Intraspecific genetic p-distances of the species studied varied from 0.0 to 0.3 %.

Interspecific genetic p-distances for the species studied are presented below:

Described species:

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	<i>Myrsidea_carmenae_ex_Hypothymis_azurea1</i>												
2	<i>Myrsidea_carmenae_ex_Hypothymis_azurea3</i>	0,0											
3	<i>Myrsidea_carmenae_ex_Hypothymis_azurea2</i>	0,3	0,3										
4	<i>Myrsidea_claytoni_MT526018</i>	32,2	32,2	31,3									
5	<i>Myrsidea_seminuda_KF048116</i>	32,2	32,2	31,5	34,4								
6	<i>Myrsidea_patersoni_GQ454448</i>	32,0	32,0	32,8	37,0	27,5							
7	<i>Myrsidea_carrikeri_MT526025</i>	32,2	32,2	31,5	34,1	27,2	35,6						
8	<i>Myrsidea_cacioppoi_KF048114</i>	35,6	35,6	34,7	33,9	28,1	28,3	32,8					
9	<i>Myrsidea_goodmani_DQ860182</i>	33,4	33,4	32,7	30,9	22,9	27,1	28,9	32,3				
10	<i>Myrsidea_batesi_DQ860184</i>	33,2	33,2	32,4	34,4	27,1	38,4	26,2	32,6	14,8			
11	<i>Myrsidea_castroae_JN638822</i>	35,4	35,4	34,5	38,0	27,2	28,4	32,1	25,3	34,2	34,5		
12	<i>Myrsidea_argentina_MT526017</i>	32,4	32,4	33,2	31,6	25,7	32,7	28,4	30,7	32,8	27,9	27,2	
13	<i>Myrsidea_hrabaki_MT526029</i>	33,1	33,1	32,3	34,0	30,4	30,7	31,1	36,1	33,6	34,8	44,2	31,6

Analysis of the *Myrsidea carmenae* COI sequences in comparison with BLAST top 10 sequences obtained from GenBank revealed that interspecific genetic p-distances ranged from 14.8% to 44.2%.

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	<i>Myrsidea_ramoni_ex_Copsychus_malabaricus1</i>												
2	<i>Myrsidea_ramoni_ex_Copsychus_malabaricus12</i>	0,0											
3	<i>Myrsidea_ramoni_ex_Copsychus_malabaricus13</i>	0,0	0,0										
4	<i>Myrsidea_cruickshanki_GQ454449</i>	25,8	25,8	25,8									
5	<i>Myrsidea_rohi_MT526031</i>	27,8	27,8	27,8	24,8								
6	<i>Myrsidea_marksi_DQ366669</i>	28,3	28,3	28,3	24,8	24,2							
7	<i>Myrsidea_incerta_FJ171270</i>	27,6	27,6	27,6	23,0	25,3	25,4						
8	<i>Myrsidea_textoris_KF768813</i>	27,6	27,6	27,6	25,0	26,3	25,2	26,6					
9	<i>Myrsidea_argentina_MT526017</i>	28,2	28,2	28,2	25,0	27,5	25,2	27,2	5,7				
10	<i>Myrsidea_pricei_FJ171273</i>	29,3	29,3	29,3	25,4	27,8	27,9	13,7	26,9	25,7			
11	<i>Myrsidea_thoracica_MT526013</i>	29,9	29,9	29,9	26,5	23,0	26,2	25,4	29,2	28,3	28,2		

1	Myrsidea masoni FJ171279	27,7	27,7	27,7	23,3	26,2	19,6	26,8	29,6	30,5	31,5	34,2	
1													
3	Myrsidea mitrospingi KF048121	30,5	30,5	30,5	24,9	26,6	22,5	23,5	25,6	27,3	29,6	29,5	28,5

Analysis of the *Myrsidea ramoni* COI sequences in comparison with BLAST top 10 sequences obtained from GenBank revealed that interspecific genetic p-distances ranged from 5.7% to 34.2%.

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	Myrsidea franciscae_ex_Rhipidura javanica1												
2	Myrsidea franciscae_ex_Rhipidura javanica2	0,0											
3	Myrsidea franciscae_ex_Rhipidura javanica3	0,0	0,0										
4	Myrsidea masoni FJ171279	27,6	27,6	27,6									
5	Myrsidea melancholici_KF048109	26,9	26,9	26,9	33,3								
6	Myrsidea saviti KF048106	26,0	26,0	26,0	29,0	27,8							
7	Myrsidea argentina_KY113130	27,0	27,0	27,0	27,5	26,8	35,9						
8	Myrsidea fusca FJ171267	24,6	24,6	24,6	22,4	31,0	25,8	22,1					
9	Myrsidea paleno MT526016	26,5	26,5	26,5	27,0	27,3	23,3	22,7	21,1				
10	Myrsidea diffusa KF048127	26,0	26,0	26,0	28,9	29,9	26,0	22,7	23,6	18,4			
11	Myrsidea nesomimi_JF734301	25,5	25,5	25,5	31,8	26,3	24,7	25,1	26,2	26,3	24,9		
12	Myrsidea ochrolaemi_JN638820	27,2	27,2	27,2	36,4	36,4	28,2	32,4	30,3	25,1	25,5	31,8	
13	Myrsidea lamprosaricola_KF048104	28,8	28,8	28,8	28,3	32,2	26,8	26,2	26,0	23,3	27,2	27,7	28,0

Analysis of the *Myrsidea franciscae* COI sequences in comparison with BLAST top 10 sequences obtained from GenBank revealed that interspecific genetic p-distances ranged from 21.1% to 36.4%.

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	Myrsidea victoriae_ex_Malacocincila sepiaria1												
2	Myrsidea victoriae_ex_Malacocincila sepiaria2	0,0											
3	Myrsidea victoriae_ex_Malacocincila sepiaria3	0,0	0,0										
4	Myrsidea incerta FJ171269	31,0	31,0	31,0									
5	Myrsidea fusca FJ171267	30,2	30,2	30,2	23,1								
6	Myrsidea marksii KU187279	32,5	32,5	32,5	25,0	22,2							
7	Myrsidea cnemotriccola_KF048124	31,7	31,7	31,7	15,5	25,1	25,7						
8	Myrsidea assimilis MT526028	33,3	33,3	33,3	22,8	29,1	31,6	26,1					
9	Myrsidea ochracei MT526019	35,9	35,9	35,9	30,6	26,9	22,5	31,6	37,2				
10	Myrsidea nesomimi_JF734272	33,9	33,9	33,9	26,8	26,8	30,0	26,3	29,8	30,5			
11	Myrsidea lanei KF048120	35,2	35,2	35,2	26,0	28,2	29,0	23,3	28,3	31,3	24,8		
12	Myrsidea meyeri_JN638821	32,2	32,2	32,2	30,6	24,8	24,8	31,9	30,1	31,6	28,0	30,0	
13	Myrsidea cruickshanki GQ454449	35,3	35,3	35,3	24,4	20,4	24,4	25,3	28,3	27,5	21,9	27,3	27,9

Analysis of the *Myrsidea victoriae* COI sequences in comparison with BLAST top 10 sequences obtained from GenBank revealed that interspecific genetic p-distances ranged from 15.5% to 35.9%.

All species studied:

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	Myrsidea_macronoi_ex_Stachyris_poliocephala1												
2	Myrsidea_ochracei_ex_Alophoixus_bres1	23,5											
3	Myrsidea_pycnonoti_ex_Tricholestes_criniger1	26,1	3,7										
4	Myrsidea_eutiloti_ex_Pycnonotus_erythrothalmos1	26,8	17,7	17,8									
5	Myrsidea_eutiloti_ex_Pycnonotus_eutilotus1	26,8	17,7	17,8	0,0								
6	Myrsidea_johnsoni_ex_Brachypodius_atriceps1	24,9	30,7	30,2	36,4	36,4							
7	Myrsidea_ramoni_ex_Kittacincla_malabarica1	35,1	34,5	38,3	33,5	33,5	38,9						
8	Myrsidea_franciscoe_ex_Rhipidura_javanica1	31,0	25,9	27,5	30,7	30,7	35,6	36,0					
9	Myrsidea_carmenae_ex_Hypothymis_azurea1	35,7	36,0	38,9	34,3	34,3	42,1	45,3	39,4				
10	Myrsidea_victoriae_ex_Malacocincla_sepiaria1	32,5	34,5	38,3	38,5	38,5	30,9	46,4	43,7	45,0			
11	Myrsidea_carmenae_ex_Terpsiphone_affinis1	35,7	36,0	38,9	34,3	34,3	42,1	45,3	39,4	0,0	45,0		
12	Myrsidea_ochracei_ex_Alophoixus_finschii1	22,3	0,6	4,4	16,7	16,7	32,0	33,1	27,2	37,5	35,9	37,5	
13	Myrsidea_johnsoni_ex_Pycnonotus_melanoleucos1	24,9	30,7	30,2	36,4	36,4	0,0	38,9	35,6	42,1	30,9	42,1	32,0

Analysis COI sequences of all species studied revealed that interspecific genetic p-distances ranged from 3.7% (between *M. pycnonoti* and *Myrsidea ochracei*) to 46.4% (between *M. victoriae* and *Myrsidea ramoni*).