

Table S1. Pairwise distances calculated in *cytb* gene analysis (only values for *Hipposideros gentilis* and related species are shown).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1 DQ054808.1 <i>H.bicolor</i> Thailand Krabi																														
2 DQ054809.1 <i>H.cineraceus</i> Malaysia Pahang	0,069																													
3 DQ054810.1 <i>H.gentilis</i> Laos	0,101	0,105																												
4 DQ054813.1 <i>H.rotalis</i> Laos Bolikhamxai	0,106	0,108	0,099																											
5 DQ054814.1 <i>H.rotalis</i> Laos	0,106	0,106	0,097	0,011																										
6 DQ054815.1 <i>H.khaokhouayensis</i> Laos	0,094	0,104	0,094	0,040	0,038																									
7 DQ054816.1 <i>H.khaokhouayensis</i> Laos	0,102	0,111	0,093	0,044	0,040	0,004																								
8 DQ888671.1 <i>H.gentilis</i> China Yunnan	0,101	0,101	0,040	0,105	0,102	0,098	0,099																							
9 EU434947.1 <i>H.sp.</i> China Yunnan	0,097	0,091	0,084	0,100	0,099	0,096	0,094	0,085																						
10 EU434950.1 <i>H.gentilis</i> China Guangdong	0,093	0,103	0,078	0,098	0,095	0,096	0,096	0,077	0,089																					
11 KJ619513.1 <i>H.gentilis</i> China Guangdong	0,094	0,103	0,080	0,098	0,097	0,096	0,097	0,077	0,089	0,001																				
12 KJ623703.1 <i>H.gentilis</i> China Hainan	0,103	0,104	0,041	0,105	0,103	0,099	0,098	0,002	0,087	0,080	0,079																			
13 KJ623704.1 <i>H.gentilis</i> China Hainan	0,104	0,105	0,042	0,105	0,104	0,100	0,099	0,003	0,088	0,080	0,080	0,001																		
14 KJ623705.1 <i>H.gentilis</i> China Yunnan	0,097	0,101	0,069	0,099	0,097	0,094	0,095	0,072	0,089	0,058	0,057	0,072	0,073																	
15 KP336273.1 <i>H.gentilis</i> China Yunnan	0,094	0,100	0,070	0,098	0,097	0,092	0,094	0,077	0,090	0,057	0,056	0,077	0,078	0,008																
16 KP336274.1 <i>H.gentilis</i> China Yunnan	0,095	0,102	0,069	0,097	0,097	0,091	0,094	0,078	0,092	0,059	0,058	0,078	0,079	0,010	0,002															
17 KP876550.1 <i>H.gentilis</i> China	0,098	0,097	0,077	0,105	0,100	0,096	0,098	0,076	0,090	0,066	0,064	0,077	0,078	0,044	0,043	0,044														
18 KX467584.1 <i>H.cineraceus</i> China	0,097	0,095	0,093	0,109	0,107	0,102	0,102	0,095	0,025	0,095	0,095	0,096	0,096	0,095	0,093	0,095	0,093													
19 LC406452.1 <i>H.cineraceus</i> C. Vietnam Quang Tri	0,093	0,092	0,086	0,101	0,099	0,094	0,094	0,088	0,020	0,091	0,092	0,089	0,090	0,087	0,086	0,088	0,089	0,020												
20 LC406453.1 <i>H.cineraceus</i> C. Vietnam Quang Tri	0,092	0,093	0,085	0,100	0,098	0,093	0,095	0,087	0,021	0,091	0,091	0,088	0,089	0,086	0,085	0,087	0,090	0,021	0,001											
21 LC406454.1 <i>H.cineraceus</i> C. Vietnam Quang Tri	0,096	0,093	0,087	0,102	0,099	0,095	0,095	0,089	0,019	0,092	0,093	0,090	0,091	0,088	0,087	0,088	0,090	0,021	0,003	0,004										
22 LC406456.1 <i>H.cineraceus</i> N. Vietnam Tuyen Quang	0,095	0,094	0,087	0,106	0,103	0,101	0,099	0,089	0,023	0,091	0,091	0,090	0,091	0,091	0,090	0,092	0,090	0,002	0,019	0,020	0,020									
23 MK064112.1 <i>H.gentilis</i> Myanmar Sagaing	0,090	0,099	0,073	0,100	0,098	0,094	0,096	0,077	0,090	0,057	0,057	0,078	0,079	0,021	0,017	0,019	0,037	0,091	0,089	0,088	0,090	0,088								
24 MK064113.1 <i>H.gentilis</i> Myanmar Naypyidaw	0,098	0,106	0,075	0,107	0,103	0,099	0,101	0,077	0,091	0,062	0,062	0,080	0,080	0,027	0,022	0,024	0,044	0,095	0,091	0,090	0,091	0,091	0,018							
25 MK091936.1 <i>H.cineraceus</i> N. Vietnam Phu Tho	0,098	0,091	0,083	0,101	0,100	0,095	0,093	0,084	0,001	0,090	0,090	0,086	0,087	0,090	0,089	0,091	0,091	0,024	0,019	0,020	0,018	0,022	0,091	0,091						
26 MK091940.1 <i>H.gentilis</i> N. Vietnam Ha Giang	0,093	0,103	0,080	0,099	0,097	0,097	0,098	0,077	0,087	0,002	0,001	0,080	0,080	0,058	0,057	0,059	0,066	0,093	0,090	0,089	0,091	0,089	0,057	0,062	0,088					
27 MK091943.1 <i>H.gentilis</i> C. Vietnam Quang Tri	0,093	0,102	0,026	0,105	0,102	0,098	0,096	0,042	0,085	0,077	0,077	0,043	0,044	0,069	0,070	0,071	0,072	0,090	0,085	0,086	0,086	0,085	0,066	0,069	0,084	0,077				
28 MK091946.1 <i>H.gentilis</i> N. Vietnam Tuyen Quang	0,092	0,104	0,081	0,100	0,098	0,096	0,097	0,077	0,088	0,003	0,002	0,080	0,081	0,059	0,058	0,060	0,067	0,094	0,091	0,090	0,091	0,090	0,058	0,062	0,089	0,001	0,076			
29 MK091947.1 <i>H.gentilis</i> N. Vietnam Phu Tho	0,097	0,105	0,082	0,101	0,099	0,099	0,099	0,080	0,091	0,007	0,006	0,083	0,084	0,058	0,057	0,059	0,066	0,097	0,093	0,092	0,094	0,092	0,057	0,062	0,091	0,005	0,078	0,006		
30 MK091949.1 <i>H.gentilis</i> N. Vietnam Phu Tho	0,098	0,106	0,083	0,102	0,099	0,100	0,100	0,079	0,090	0,008	0,007	0,082	0,083	0,059	0,058	0,060	0,067	0,096	0,092	0,091	0,093	0,091	0,058	0,062	0,091	0,006	0,079	0,007	0,001	
31 MK410336.1 <i>H.gentilis</i> Myanmar Sagaing	0,089	0,098	0,074	0,101	0,099	0,094	0,097	0,077	0,091	0,058	0,058	0,079	0,080	0,022	0,018	0,020	0,035	0,092	0,090	0,089	0,091	0,089	0,003	0,019	0,091	0,058	0,067	0,059	0,058	0,059
32 MK410337.1 <i>H.gentilis</i> Myanmar	0,089	0,098	0,072	0,099	0,097	0,093	0,095	0,076	0,089	0,056	0,056	0,077	0,078	0,021	0,016	0,018	0,036	0,090	0,088	0,087	0,089	0,087	0,001	0,018	0,090	0,056	0,065	0,057	0,056	0,057
33 MK410340.1 <i>H.gentilis</i> Myanmar Sagaing	0,089	0,098	0,072	0,099	0,097	0,094	0,095	0,076	0,089	0,058	0,058	0,077	0,078	0,022	0,018	0,020	0,036	0,091	0,088	0,087	0,089	0,087	0,003	0,019	0,090	0,058	0,065	0,059	0,058	0,059
34 MK410344.1 <i>H.gentilis</i> N. Vietnam Ninh Binh	0,092	0,104	0,077	0,097	0,094	0,095	0,095	0,074	0,088	0,008	0,007	0,077	0,078	0,055	0,055	0,056	0,063	0,094	0,091	0,090	0,091	0,090	0,055	0,059	0,089	0,008	0,076	0,009	0,010	0,011
35 MK410350.1 <i>H.gentilis</i> S. Vietnam Binh Thuan	0,093	0,100	0,093	0,076	0,073	0,071	0,075	0,091	0,090	0,087	0,088	0,093	0,094	0,097	0,095	0,095	0,093	0,097	0,090	0,089	0,091	0,092	0,093	0,099	0,089	0,085	0,091	0,086	0,091	0,091
36 MK410351.1 <i>H.gentilis</i> S. Vietnam Binh Thuan	0,094	0,105	0,096	0,077	0,076	0,072	0,077	0,095	0,093	0,088	0,088	0,095	0,096	0,097	0,092	0,090	0,094	0,098	0,091	0,091	0,092	0,094	0,091	0,098	0,092	0,088	0,095	0,089	0,093	0,094
37 MK410352.1 <i>H.cineraceus</i> N. Vietnam Vinh Phuc	0,095	0,094	0,087	0,106	0,103	0,101	0,099	0,089	0,023	0,091	0,091	0,090	0,091	0,091	0,090	0,092	0,090	0,001	0,018	0,019	0,019	0,001	0,088	0,091	0,022	0,089	0,085	0,090	0,092	0,091
38 MK430028.1 <i>H.gentilis</i> S. Vietnam Binh Thuan	0,095	0,104	0,095	0,076	0,075	0,071	0,077	0,094	0,092	0,089	0,089	0,094	0,095	0,096	0,091	0,089	0,093	0,097	0,091	0,090	0,091	0,093	0,090	0,097	0,109	0,099	0,103	0,100	0,104	0,106
39 MK430029.1 <i>H.gentilis</i> N. Vietnam Vinh Phuc	0,090	0,101	0,077	0,096	0,093	0,093	0,094	0,073	0,085	0,007	0,006	0,076	0,077	0,054	0,053	0,055	0,060	0,091	0,088	0,087	0,089	0,087	0,053	0,057	0,086	0,007	0,075	0,008	0,009	0,010
40 MK462234.1 <i>H.gentilis</i> Myanmar Sagaing	0,090	0,099	0,071	0,099	0,098	0,092	0,094	0,075	0,090	0,057	0,057	0,076	0,077	0,021	0,017	0,019	0,037	0,091	0,089	0,088	0,090	0,088	0,002	0,018	0,091	0,057	0,064	0,058	0,057	0,058
41 MT149741.1 <i>H.bicolor</i> Malaysia	0,045	0,066	0,102	0,108	0,109	0,108	0,113	0,100	0,098	0,103	0,103	0,102	0,103	0,100	0,100	0,100	0,103	0,101	0,096	0,095	0,097	0,100	0,097	0,109	0,099	0,103	0,100	0,104	0,107	0,106
42 MT149742.1 <i>H.bicolor</i> Malaysia	0,042	0,067	0,104	0,109	0,111	0,105	0,113	0,102	0,100	0,105	0,104	0,103	0,104	0,099	0,099	0,099	0,104	0,103	0,098	0,097	0,099	0,102	0,097	0,109	0,101	0,105	0,100	0,106	0,109	0,108
43 MT149813.1 <i>H.cf.bicolor</i> Malaysia	0,090	0,072	0,108	0,112	0,116	0,108	0,112	0,106	0,090	0,106	0,104	0,106	0,107	0,101	0,101	0,102	0,091	0,101	0,091	0,092	0,092	0,100	0,099	0,105	0,091	0,106	0,107	0,107	0,109	0,108
44 S-167170 <i>H.gentilis</i> C. Vietnam Quan Binh	0,090	0,103	0,027	0,102	0,099	0,096	0,097	0,041	0,090	0,074	0,074	0,042	0,043	0,066	0,067	0,068	0,073	0,094	0,090	0,089	0,091	0,090	0,065	0,069	0,089	0,074	0,013	0,073	0,074	0,075
45 S-167172 <i>H.gentilis</i> C. Vietnam Quan Binh	0,089	0,102	0,026	0,101	0,099	0,095	0,096	0,040	0,089																					

54	S-191870	<i>H. gentilis</i>	S.	Vietnam	Dong Nai	0,084	0,084	0,098	0,076	0,073	0,087	0,093	0,104	0,093	0,107	0,107	0,107	0,110	0,092	0,092	0,092	0,096	0,093	0,090	0,090	0,090	0,090	0,087	0,096	0,096	0,104	0,098	0,104	0,110	0,112
55	S-190302	<i>H. gentilis</i>	S.	Vietnam	Bihn Chau	0,098	0,110	0,104	0,075	0,077	0,073	0,075	0,100	0,107	0,090	0,090	0,099	0,099	0,105	0,102	0,100	0,097	0,113	0,104	0,103	0,105	0,111	0,097	0,107	0,107	0,091	0,102	0,092	0,097	0,098
56	S-198154	<i>H. gentilis</i>	S-C	Vietnam	Gia Lai	0,107	0,103	0,102	0,067	0,069	0,070	0,094	0,098	0,095	0,095	0,095	0,097	0,095	0,100	0,098	0,097	0,099	0,097	0,099	0,099	0,099	0,097	0,099	0,098	0,097	0,101	0,095	0,098	0,097	
57	EU434948.1	<i>H. sp.</i>	I	China	Yunnan	0,095	0,094	0,087	0,106	0,103	0,101	0,099	0,089	0,023	0,091	0,091	0,090	0,091	0,091	0,090	0,092	0,090	0,001	0,018	0,019	0,019	0,001	0,088	0,091	0,022	0,089	0,085	0,090	0,092	0,091

Table S1. (continuation).

[illegible]

[illegible]

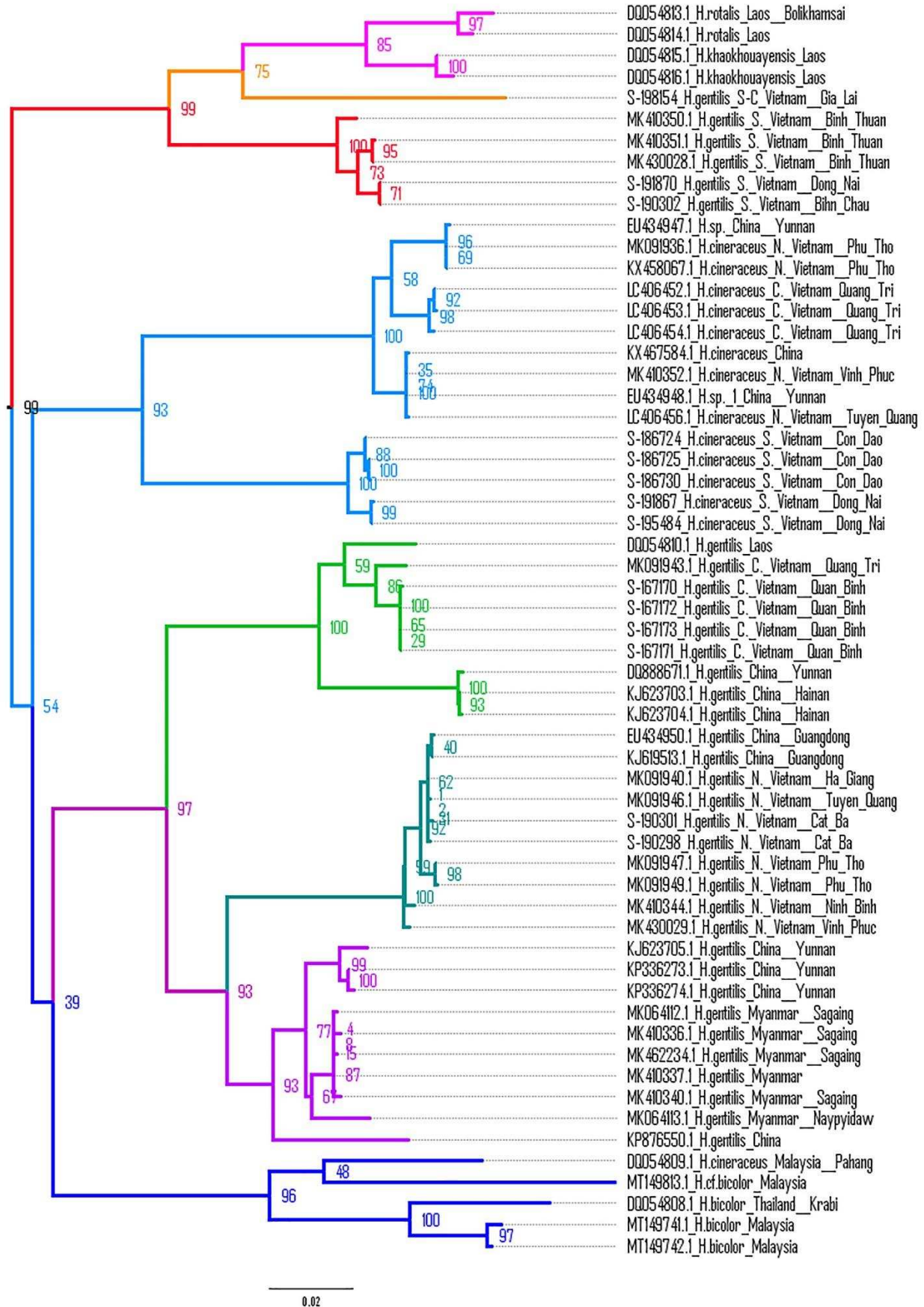


Figure S1. Phylogenetic relationships of selected *Hipposideros* species inferred from *cytb* sequences (unfolded Figure 2. Maximum likelihood supports are shown at the tree nodes.

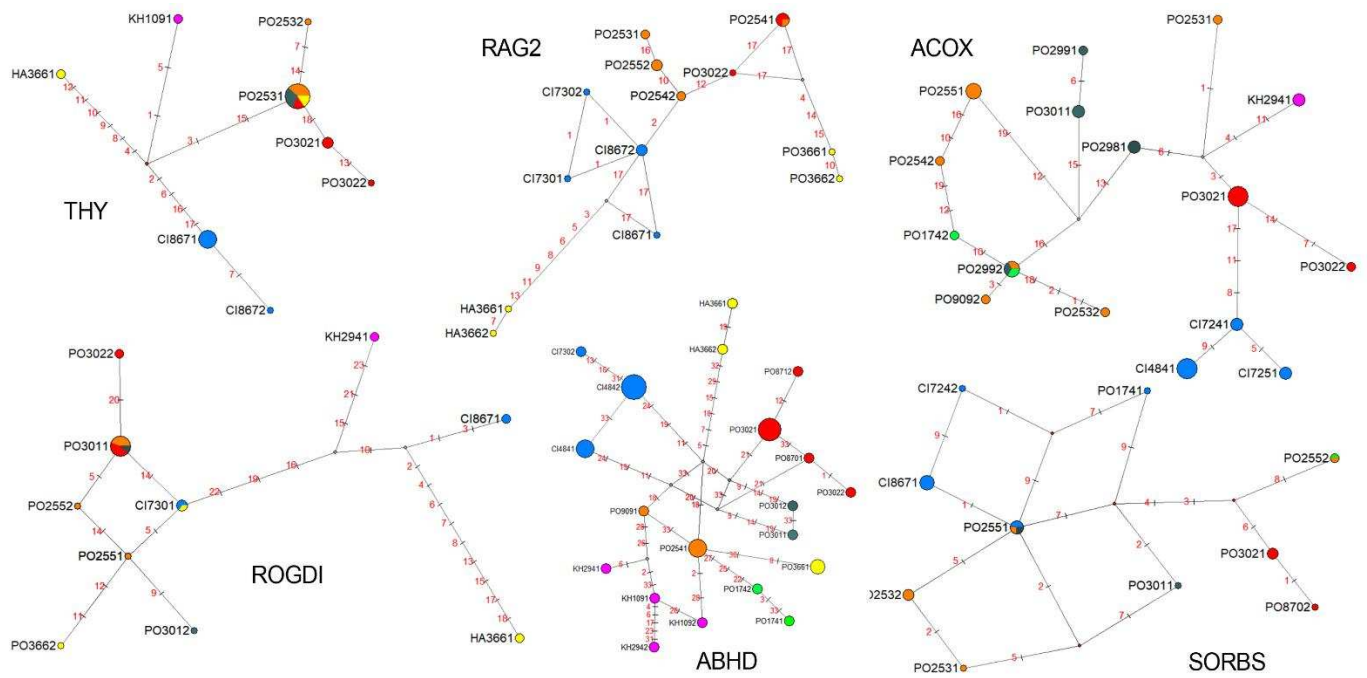


Figure S2. Median-joining networks showing the relationships among the alleles of the individual nuclear genes of *Hipposideros gentilis* and some related forms. Size of nodes designate allele count. Pie-charts are colored the same way as the branches of MRP tree (Figure 3); outgroups and uncertainly attributed GenBank sequences are colored in yellow. Mutated positions in variable character matrices are designated on edges. For specimen numbers and a full list of alleles in each node see Tables S2 and S3.

Table S2. Specimen IDs and haplotypes codes as they are designated on Figure S2.

Specimen ID	Species	Allele1	Allele2
T-250608-2	« <i>H. ater</i> »	at1091	at1092
T-180809-3	« <i>H. pomona</i> »	po3661	po3662
S-167179	<i>H. cineraceus</i>	ci1791	ci1792
S-186724	<i>H. cineraceus</i>	ci7241	ci7242
S-186725	<i>H. cineraceus</i>	ci7251	ci7252
S-186730	<i>H. cineraceus</i>	ci7301	ci7302
S-191867	<i>H. cineraceus</i>	ci8671	ci8672
S-195484	<i>H. cineraceus</i>	ci4841	ci4842
Hhal2	<i>H. halophyllus</i>	ha3661	ha3662
S-190294	<i>H. khaokhouensis</i>	kh2941	kh2942
T-070108-1	<i>H. khaokhouensis</i>	kh1091	kh1092
S-167174	<i>H. gentilis</i>	po1741	po1742
S-190298	<i>H. gentilis</i>	po2981	po2982
S-190299	<i>H. gentilis</i>	po2991	po2992
S-190301	<i>H. gentilis</i>	po3011	po3012
S-190302	<i>H. gentilis</i>	po3021	po3022
S-191870	<i>H. gentilis</i>	po8701	po8702
S-191871	<i>H. gentilis</i>	po8711	po8712
S-191909	<i>H. gentilis</i>	po9091	po9092
S-198253	<i>H. gentilis</i>	po2531	po2532
S-198254	<i>H. gentilis</i>	po2541	po2542
S-198255	<i>H. gentilis</i>	po2551	po2552

Table S3. Identical haplotypes lists for nodes on networks (Figure S2)
 NN – network node name, AH – additional haplotypes.

[illegible]