

**Accessory Table 1. Allele frequencies at 15 polymorphic loci for *Venatrix fontis* sites**

For polymorphic loci, the frequencies of all but the rarer/rarest alleles are expressed as percentages and shown as superscripts (allowing the frequency of each rare allele to be calculated by subtraction from 100%). A dash indicates these samples lacked sufficient activity at this locus to be reliably scored. Site codes as per Table 1. (N) = maximum number of animals sampled at each site (i.e. not all individuals were scorable at all loci);  $H_0$  = observed heterozygosity; s.e. = standard error

Site	(N)	<i>Acon1</i>	<i>Acon2</i>	<i>Ak</i>	<i>Fdp</i>	<i>G6pd</i>	<i>Got2</i>	<i>Gpi</i>	<i>Hk</i>	<i>Idh1</i>	<i>Idh2</i>	<i>Ldh</i>	<i>Mpi</i>	<i>Pgam</i>	<i>Pgm1</i>	<i>Pgm2</i>	$H_0 \pm$ s.e.
1	(4)	d	c <sup>50</sup> ,d	a	b	b	b	b	c	b <sup>75</sup> ,a	b	c	c	a	b	c	0.056 ± 0.039
4	(23)	d	d <sup>73</sup> ,c	b <sup>52</sup> ,a	b	b	b	b <sup>63</sup> ,a	c	b	b	c <sup>93</sup> ,d	c	a	b	c	0.100 ± 0.048
6	(8)	d <sup>94</sup> ,b	c <sup>86</sup> ,d	a	b <sup>75</sup> ,a	b <sup>94</sup> ,a	b	b	c	a <sup>50</sup> ,b	b	c	c	a <sup>75</sup> ,b	b	c	0.152 ± 0.063
23	(3)	d <sup>67</sup> ,b	c <sup>67</sup> ,d <sup>17</sup> ,e	a	a <sup>83</sup> ,b	b	b	b	c	b	b	c	a <sup>50</sup> ,c	a <sup>83</sup> ,b	b <sup>67</sup> ,c	c	0.156 ± 0.064
24	(15)	d <sup>90</sup> ,b	c <sup>79</sup> ,e <sup>17</sup> ,d	a	a <sup>60</sup> ,b	b	b <sup>97</sup> ,d	b	c	b	b	c	c <sup>83</sup> ,a	a <sup>80</sup> ,b	b <sup>67</sup> ,c	c	0.153 ± 0.051
27	(20)	d <sup>95</sup> ,b	c <sup>97</sup> ,b	a	a <sup>70</sup> ,b	b	b	b <sup>95</sup> ,a	c <sup>90</sup> ,b	b	b	c <sup>83</sup> ,d	c <sup>72</sup> ,a	a <sup>90</sup> ,b	c <sup>62</sup> ,b	c	0.160 ± 0.050
28	(4)	d	c	a	b <sup>83</sup> ,a	c <sup>75</sup> ,b	b	b <sup>88</sup> ,d	c	b	b	c	c	a	c	c	0.072 ± 0.041
30	(10)	d <sup>95</sup> ,b	c <sup>94</sup> ,d	a	b <sup>56</sup> ,a	b <sup>85</sup> ,c	b <sup>67</sup> ,d	b	c	b	b	c	c <sup>95</sup> ,a	a <sup>80</sup> ,b	b <sup>70</sup> ,c	c <sup>67</sup> ,a	0.160 ± 0.050
31	(25)	d <sup>98</sup> ,b	b <sup>75</sup> ,c	a	b <sup>60</sup> ,a	b <sup>98</sup> ,a	b	b <sup>98</sup> ,a	c <sup>70</sup> ,a	b	c <sup>98</sup> ,b	c <sup>98</sup> ,d	c <sup>60</sup> ,a	a	b	c	0.134 ± 0.054
34	(14)	d <sup>85</sup> ,b <sup>11</sup> ,a	c <sup>69</sup> ,d <sup>12</sup> , a <sup>8</sup> ,e <sup>7</sup> ,b	a	b <sup>64</sup> ,a	b	b <sup>96</sup> ,a	b	c	b	b <sup>86</sup> ,c	c	c	b <sup>68</sup> ,a	b <sup>96</sup> ,c	c	0.136 ± 0.052
39	(9)	b	c	a	b <sup>83</sup> ,a	b	b	b	c	b	b <sup>78</sup> ,a	c	c	b <sup>89</sup> ,a	b	c	0.052 ± 0.032
40	(28)	b <sup>98</sup> ,d	c	a	b <sup>98</sup> ,a	b	b <sup>98</sup> ,a	b	c	b <sup>98</sup> ,a	b <sup>84</sup> ,a	c	c	a <sup>50</sup> ,b	b	c	0.060 ± 0.034
42	(15)	d	c <sup>93</sup> ,d	a <sup>93</sup> ,b	b <sup>68</sup> ,a	b	b	b	c	b <sup>67</sup> ,a	b	c	c	a <sup>97</sup> ,b	b	c	0.073 ± 0.034
43	(14)	d <sup>96</sup> ,b	c <sup>96</sup> ,d	a	b <sup>96</sup> ,a	b	b <sup>96</sup> ,a	b <sup>82</sup> ,a	c	b <sup>68</sup> ,a	b	c	c <sup>96</sup> ,a	a <sup>86</sup> ,b	b	c	0.090 ± 0.038
46	(13)	b <sup>54</sup> ,d	c <sup>92</sup> ,de <sup>4</sup>	a <sup>81</sup> ,b	b <sup>54</sup> ,a	b	b <sup>54</sup> ,a	b	c	b	b <sup>88</sup> ,c	c	c	b <sup>96</sup> ,a	b	c <sup>88</sup> ,a	0.164 ± 0.059
48	(21)	d	c <sup>79</sup> ,d <sup>19</sup> ,e	a	b <sup>57</sup> ,a	b	b <sup>95</sup> ,a	b <sup>79</sup> ,a	c	b	b <sup>98</sup> ,c	c	c <sup>71</sup> ,a	a <sup>93</sup> ,b	b <sup>95</sup> ,c <sup>3</sup> ,a	c <sup>98</sup> ,b	0.130 ± 0.044
49	(23)	d	c <sup>96</sup> ,d	a	b <sup>83</sup> ,a	b	b	b <sup>83</sup> ,a	c	a <sup>54</sup> ,b	b	c	c	a <sup>98</sup> ,b	b	c	0.099 ± 0.050
50	(27)	d	d <sup>70</sup> ,c	a <sup>63</sup> ,b	b	b	b	b <sup>78</sup> ,a	c	b <sup>93</sup> ,a	b	c	c <sup>96</sup> ,a	a <sup>91</sup> ,b	b	c	0.107 ± 0.045
51	(24)	d <sup>96</sup> ,b	-	a	b <sup>98</sup> ,a	b <sup>98</sup> ,c	b	b <sup>83</sup> ,a	c	b <sup>69</sup> ,a	b	c	c <sup>98</sup> ,e	a <sup>98</sup> ,b	b	c	0.068 ± 0.033

**Accessory Table 2. Summary of pairwise comparisons of allele frequency between *Venatrix fontis* sites**

Shown are the number of significant differences for  $0.001 \leq P < 0.05$  (left-hand value) and for  $P < 0.001$  (right-hand value). Sites with sample sizes less than 10 are asterisked (\* =  $5 \leq n < 10$ , \*\* =  $n < 5$ ). Site codes as per Table 1. As discussed in the text, site 23 was pooled with its microgeographic replicate, site 24. All significance values were Bonferroni-adjusted to correct for multiple tests. ns = no significant differences

Site	1**	4	6*	23/24	27	28**	30	31	34	39*	40	42	43	46	48	49	50	51	
1**	–																		
4	ns	–																	
6*	ns	2,1	–																
23/24	ns	2,4	0,1	–															
27	2,0	2,4	0,2	ns	–														
28**	1,0	0,2	1,1	1,1	0,1	–													
30	ns	2,4	1,0	1,0	0,2	ns	–												
31	1,1	0,7	1,2	0,4	1,3	3,3	3,2	–											
34	ns	2,3	1,0	1,0	0,2	0,2	ns	1,4	–										
39*	1,1	0,3	2,1	0,2	1,3	0,4	0,2	1,4	0,1	–									
40	1,1	0,5	0,2	2,3	1,4	0,3	4,1	0,7	2,1	ns	–								
42	ns	3,2	ns	1,1	1,1	1,1	1,0	2,3	1,1	0,2	2,2	–							
43	ns	1,2	ns	2,1	1,2	0,2	ns	3,2	1,0	0,2	1,1	ns	–						
46	0,1	1,5	2,1	1,2	0,4	1,2	2,1	2,5	1,0	1,0	0,4	2,2	3,1	–					
48	ns	1,3	0,1	1,0	0,1	0,2	2,0	1,2	1,0	0,2	3,3	1,0	2,0	1,2	–				
49	ns	0,3	ns	1,2	1,3	0,2	3,1	0,5	0,2	0,3	0,3	ns	ns	0,4	1,1	–			
50	ns	ns	1,0	0,4	0,4	0,2	6,0	0,6	1,3	0,3	1,4	1,1	1,1	0,5	1,2	0,3	–		
51	ns	0,2	ns	2,1	1,3	0,2	4,0	0,5	2,1	0,2	1,2	1,0	ns	1,4	1,2	ns	0,1	–	

**Accessory Table 3. Allele frequencies at 12 polymorphic loci for sites representing the artesian metapopulation of *Venatrix arenaris***

For polymorphic loci, the frequencies of all but the rarer/rarest alleles are expressed as percentages and shown as superscripts (allowing the frequency of each rare allele to be calculated by subtraction from 100%). A dash indicates these samples lacked sufficient activity at this locus to be reliably scored. Site codes as per Table 1. (N) = maximum number of animals sampled at each site (i.e. not all individuals were scorable at all loci);  $H_O$  = observed heterozygosity; s.e. = standard error

Site	(N)	<i>Acon1</i>	<i>Acon2</i>	<i>Enol</i>	<i>Fum</i>	<i>Got2</i>	<i>Gpi</i>	<i>Idh2</i>	<i>Ldh</i>	<i>Mdh1</i>	<i>Mdh2</i>	<i>6Pgd</i>	<i>Pgm1</i>	$H_O \pm s.e.$
6	(2)	c	c	b	b	b	c	b	b	a	b	b	d <sup>75,e</sup>	0.042 ± 0.042
8	(13)	c	c	b <sup>96,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b	b	d	0.006 ± 0.006
10	(7)	c <sup>93,d</sup>	c	b	b	b	c	b <sup>93,c</sup>	b	a	b <sup>93,a</sup>	b <sup>93,a</sup>	d	0.048 ± 0.020
12	(11)	c	c <sup>89, d<sup>6,e</sup></sup>	b	b	b <sup>95,d</sup>	c <sup>95,d</sup>	b	b <sup>95,a</sup>	a	b <sup>91,a</sup>	b <sup>91,</sup>	d <sup>95,e</sup>	0.079 ± 0.024
												a <sup>5,c</sup>		
13	(13)	c	c <sup>88,e</sup>	b	b	b	c	b	b	a	b	b	d	0.021 ± 0.021
14	(5)	c	c	b	b	b <sup>80,c</sup>	c	b	b	a	b <sup>90,a</sup>	b	d	0.050 ± 0.036
16	(10)	c	c <sup>89,b<sup>6, d</sup></sup>	b	b	b <sup>65,c</sup>	a <sup>55,c</sup>	b	b	a	b <sup>95,a</sup>	b	d	0.127 ± 0.068
18	(9)	c	c <sup>75,e</sup>	b	b	b	c	b	b	a	b	b	d	0.042 ± 0.042
19	(8)	c	c <sup>86,e</sup>	b	b <sup>75,</sup>	b	c	b <sup>88,c</sup>	b	a <sup>94,b</sup>	b	b	d	0.097 ± 0.047
					a <sup>13,c</sup>									
23	(2)	c <sup>75,d</sup>	c	b	b	b	c	b	b	a	b <sup>75,a</sup>	b	d	0.083 ± 0.056
24	(1)	c	-	a <sup>50,b</sup>	b	b	c	b	b	a	b	b	d	0.091 ± 0.091
28	(13)	c	c <sup>96,d</sup>	b <sup>62,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b <sup>96,a</sup>	b	d	0.051 ± 0.038
33	(12)	c	c	b <sup>83,a</sup>	b	b	c	b	b <sup>96,a</sup>	a	b <sup>92,a</sup>	b <sup>87,a</sup>	d	0.056 ± 0.026
34	(5)	c	c	b <sup>90,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b <sup>90,a</sup>	b	d	0.033 ± 0.022
35	(16)	c	c <sup>96,d</sup>	b	b <sup>97,c</sup>	b	c <sup>97,d</sup>	b	b	a	b <sup>97,a</sup>	b <sup>95,a</sup>	d	0.029 ± 0.011
36	(11)	c	c	b	b	b	c	b	b	a	b <sup>91,a</sup>	b <sup>95,a</sup>	d <sup>95,b</sup>	0.030 ± 0.017
37	(11)	c	c	b <sup>95,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b <sup>82,a</sup>	b <sup>55,a</sup>	d	0.098 ± 0.065
38	(5)	c	c <sup>90,e</sup>	b <sup>90,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b	b <sup>90,a</sup>	d	0.050 ± 0.026
41	(5)	c	c	b <sup>90,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b	b	d	0.017 ± 0.017
42	(12)	c	c	b <sup>87,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b <sup>58,a</sup>	b <sup>96,a</sup>	d <sup>92,e</sup>	0.069 ± 0.034
43	(7)	c	c	b <sup>79,a</sup>	b	b	c	b	b <sup>93,a</sup>	a	b	b	d	0.048 ± 0.037
45	(1)	c	c	a	b	b	c	b	b	a	b	b	d	0.000 ± 0.000
46	(7)	c	c	b	b	b	c	b	b	a	b <sup>86,a</sup>	b <sup>93,a</sup>	d	0.036 ± 0.026
50	(4)	c <sup>87,b</sup>	c <sup>50,d</sup>	b <sup>75,a</sup>	b	b	c	b	b	a	b <sup>75,a</sup>	b	d <sup>75,e</sup>	0.229 ± 0.095