Appendix S2. Multiple sequence alignment (MAFFT) of 16S rRNA gene sequences of rhinatrematids used in the phylogenetic analysis. in FASTA format.

```
>MH177828.1
ACTGCCTGCCCAGTGATAATTA--
TTTAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGTCTTTTAA
ATAGAGACCTGTATGAATGGCAAAACGAAGGCTTAACTGTCTCCTTTATCCAATCAGTGAAATTGATCTCCTT
GTACAAA
AGCAAGGATGCCTACACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAAC----------------------
ACACATTCAAT
TAATTTTTTAACCATGATATGTAGTTTTTGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAATTCATCCTCCGAGCATATAT
TAACACA
A-TTAATCAAGCCAAGAAAAACATTACAAAGCACCAGAACTTCTAATCTA-TTGACCCAATA-
TTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCATTAGAGAGTCCATATCGACAATGGGGCTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATACCCCACCAGTGCAGCAGCTGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAATCCT
>KX757089.1
ACTGCCTGCCCAGTGAAAATTAT-
TTTAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGTCTTTTAA
ATAAAGACCTGTATGAACGGCAACACGAAGGCTTAACTGTCTCCTTTACCTAATCAGTGAAATTAGTTATCCT
GTACAAA
AACAGGAATACTCACACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAACGCACAGCCAACCT--------
AACACAC-CAAC
CAGTTATTTGACC------
TGTCGTTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAATACATCCTCCGAGTACATATTAACACA
A-TTAATTAGACTAAGAGCCACATCACAAAGCACCAGAAATTCTAATTTA-TTGACCCATGA-
TTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTATTAGAGAGTCCATATCGATAATGGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATCCCCAAACAGTGCAGCAGCTGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAATCCT
>NC_006303.1
ACTGCCTGCCCAGTGAAAATTAT-
TTTAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGTCTTTTAA
ATAAAGACCTGTATGAACGGCAACACGAAGGCTTAACTGTCTCCTTTATCTAATCAGTGAAACTAGTTATCCT
GTACAAA
AACAGGAATACTCACACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAACGCACAGCCAACCT--------
AACACACTTAAC
CAGTTATTTGGCC------
TGTCGTTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAATACATCCTCCGAGTACATATTAATACA
A-TTAATTAAACTAAGAACCACATCACAAGGCACCAGAAATTCTGATTTA-TTGACCCAAGA-
TTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTATTAGAGAGTCCATATCGATAATGGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATCCCCAAACAGTGCAGCAGCTGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAATCCT
>OD909593.1
ACTGCCTGCCCAGTGAAAATTAT-
TTTAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGTCTTTTAA
ATAAAGACCTGTATGAACGGCAACACGAAGGCTTAACTGTCTCCTTTATCTAATCAGTGAAATTAGTTATCCT
GTACAAA
AACAGGAATACTCACACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAACGCACAGCCAACCT--------
AACACACTTAAC
CAGTTATTTGACC------
TGTCGTTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAATACATCCTCCGAGTACATATTAATACA
A-TTAATTAAACTAAGAACCACATCACAAGGCACCAGAAATTCTGATTTA-TTGACCCAAGA-
TTTGATCAACGAACCAA
```

GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTATTAGAGAGTCCATATCGATAATGGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATCCCCAAACAGTGCAGCAGCTGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAATCCT
>GU566189.1
ACTGCCTGCCCAGTGATAATTA--
TTTAACGGCCGCGGTATCCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGTCTTTTAA
ATAAAGACTAGTATGAACGGCAAAACGAAGGCTTAACTGTCTCCTCTGTCCAGTCAGTGAAATTGATCCCCCT
GTACAAA
AGCAGGAATACAACCACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAACGCACATGCAACTA--------AA---
AC---CT
TAAATTT--AGCTATGACATATCGTTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAACACACCCTCCGCCCAC--
GCTAGCACA
ATCTGGCTACACCAAGAAACACATTACAACGTGCCGAAAATTCGGCCATATTTGACCCAATA-
TTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTATCAAAGAGTCCATATCGATGATTGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
GCACCCAAACAGTGCAGCAGCTGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAGCCCT
>DQ283385.1
ACTGCCTGCCCAGTGATATTTA--
TTCAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGTCTTTTAA
ATAAAGACTAGTATGAATGGCAAAACGAAGGCTTAGCTGTCTCCTCTATCCAATCAGTGAAATTGATACCCCT
GTACAAA
GGCAGGGATATAACCACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAACGCACATACAACTT--------
AAATTAC---CC
TAAATTTTCAGCCATGATATGTCGTTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAACACACCCTCCGCCCA----
CTAGTATA
A-
CTAGCTACACTAAGAAGCACACCACAACGTGCCGAAAACTCGGCCATATTTGACCCAATATTTTGACCAACGA
ACCAA
GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTATCAAAGAGTCCATATCGATGATTGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
GCACCCAAACAGTGCAGCAGCTGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAGCCCT
>MH177829.1
ACTGCCTGCCCAGTGATAGTAA--
TTCAACGGCCGCGGTATCCTAACCGTGCAAAGGTAGCATAATCATTTGTCTTTTAA
ATAAAGACTTGTATGAACGGCAAAACGAAGGCTTAACTGTCTCCTTTATCCAATCAATGAAACTGATCCACCC
GTACAAA
AGCGGGAATAAAACTACAAGACGAGAAGACCCCATGGAGCTTAAAACACACACTCAACT--------------
AC-CAAA
TATTCCCCTAGTTATGACGTGTTGTTTTTGGTTGGGGCGACCATGGAGAACCTCTCACCCTCCAAGACAATAC
TAATAT-
--TTTAGCCGGCCTAGAAAAACAACACAAAGCACTAGAAGCTCTAACAT--TTGACCCAAAC-
TTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTGGGGATAACAGCGCAATCCTCTCAAAGAGCCCATATCGCCGAGAGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATATCCAAACAGTGCAGAAGCCGTTAAGGGTTCGTTTGTTCAACGATTAATAATCC
>GQ244468.1
ACTGCCTGCCCAGTGATAACTATATTCAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGT
CTTTTAA
ATAAAGACTAGTATGAACGGCAAAACGAGGACTTAACTGTCTCCTTTATCCTATCAGTGAAATTGATCCCCCC
GTACAAA
AGCGGGGATACACCCACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTCAAATGCACATGCACCT----------
GTCCTTTAAAC
CAGATA---
GACTCTGACATGTAATTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGAACAACACATCCTCCAAGACATTGCTAGCAAC
A-CTAGCC--ACCCAGAGAAACACCCCCAAGCACCAAAAACTTTGATACA-
TTGACCCAAATTTTTGATCAACGAACCAA

GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTTTCAAAGAGTCCCTATCGCCGAAAGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATACCCCAACAGTGCAGCAGCCGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAATCCT
>ON468505.1
ACTGCCTGCCCAGTGATAACTGTATTCAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCATAATCACTTGT
CTTTTAA
ATAAAGACTAGTATGAACGGCAAAACGAGGACTTAACTGTCTCCTTTATCCGATCAGTGAAATTGATCTCCCC
GTACAAA
AGCGGGGATACACCCACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAAATGCACATGCAACC----------
ATCTCTTAAA-
CAGATA---
GACTATGACATGTAATTTTCGGTTGGGGCGACCATGGAGAACAACACATCCTCCAAGATATTGCTAGCAAC
A-CTAGCC--ACCCAGAGAAACACCCCTAAGCACCAAAAACTTTGATACC-
TTGACCCAAATTTTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCTTTCAAAGAGTCCATATCGCCGAAAGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATACCCCAACAGTGCAGCAGCCGTTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAATCCT
>KF540151.1
ACTGCCTGCCCAGTGATATTGA--
TTCAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGTAATCACTTGTCTTTTAA
ATAAAGACTAGTATGAACGGCAAAACGAGGACTTAACTGTCTCCTTTATCCTATCAGTGAAATTGATCTTTCC
GTACAAA
AGCGGAAATAACACCACAAGACGAGAAGACCCCATGGAGCTTCAAACACGCAGTCAACTACATTACACAATCT
AC-CACA
AAAACATGAAGACCTGACTCCCTGTTTTCGGTTGGGGCGACCACGGAGCAATATCAACCCTCCGAGATGATAA
CCACCTA
A---------
ACTAAGGAACACCCCCCAAAGTATCAGAAATTCTGACACAATTGACCCAAACCCTTGATCAACGAACCAA
GTTACCCTGGGGATAACAGCGCCATCCTTTCAAAGAGTCCCCATCAACGAAAGGGTTTACGACCTCGATGTTG
GATCAGG
ATACCCAAGTGGTGCAACAGCCACTAAAGGTTCGTTTGTTCAACGATTAATAATCC