

36CA.....A.T.....C.....T.C.T.....C....
37CA.....A.T..C.C.....C.T.....C.C..
38CA.....C.....A.T.....C.....C.T.....C....
39A.....A.T.....C.....T.T.....C.....C..C
40A.....A.T.....CT.....T.T.....C.....C..C
41 C.....A.....A.T.....CT.....T.T.....C.....C..C
42A.....A.....A.T.....C.....T.T.....C.....C..C
43A.....A.....A.T.....C.....T.T.....C.....C..C
44A.....A.....A.T.....C.....T.T.....C.....A..C..C
45A.....A.....A.T.....C.....T.T.T.....C.....C..C
46A.....A.....A.T.....C.....T.T.....C.....C..C
47A.....A.....A.T.....GC.....T.T.....C.....C..C
48A.....A.....A.T.....C.C.....T.T.....T.....C.....C..C
49A.....C.....A.T.....C.....T.T.....C.....C..C
50A.....A.....A.T.....C.C.....T.T.....C.....C..C
51 T.....A.....A.....A.T.....C.....T.T.....C.....C..C
52CA.....C.C.A.....A.T.....C.A.....C.....G.C.T.C.....C..
53CA.....C.C.....A.T.....C.A.....C.....G.C.T.C.....C..
54CA.....C.C.....A.....C.A.....C.....G.C.T.C.....C..
55TCA.....C.....G.A.....C.A.....C.....G.....G.C.T.C.....C..
56 ..T.TCA.....C.....A.T.....C.A.....C.....G.C.T.C.....C..
57TCA.....AC.G.G.A.....C.A.....CT.....G.C.T.....C..
58TCA.....AC.....A.T.....C.A.....CT.....G.C.T.....C..
59TCA.....AC.....A.....C.A.....CT.....G.....T.....C..
60CA.....C.C..G.A.T.....C.A.....C.....G.C.T.C.....C..
61CA.....C.C..G.A.T.....C.A.....C.....G.C.T.C.....C..
62A.....A.....AC.....A.T.....C.....C.....C.....C..
63A.T.A.....AC.....A.T.....C.....C.....C.....C..
64A.....AC.....A.T.....C.....C.....C.....C..
65A.....C.....A.T.....G.....C.....C.....C..
66A.....A.....AC.G.A.....C.....C.....C.....C..
67A.....A.....AC.G.A.....C.....C.....C.....C..
68A.....C.....A.T.....C.....T.....A.....C.....C..
69A.....C.....A.T.....C.....T.C.....A.....C.....C..
70A.....C.....A.....C.....T.C.....C.....C.....T..
71A.....C.....A.....C.....C.....T.....C.....C.....C.T..
72A.....C.C.....A.....C.....T.....C.....C.....C.T..
73A.T.....C.....A.....C.....T.....C.....C.....C.T..
74A.T.....C.C.....A.....C.....T.....C.....C.....C.T..
75CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
76CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C..
77CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG..
78CA.....CAC.ATCC.C.A.G.....CG.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C..
79CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG.....A.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
80CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG.....G.G..TG...C.G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
81CA.A.....CAC.ATCC.C.A.....CG.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
82CA.....CAC.ATCC.C.A..C.....CG.....G.C.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
83CA.....CAC.AT.C.C.A.....CG.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
84CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG..T..G..G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
85CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG.G.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
86CA.....CAC.ATCC.C.A.....G.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
87CA.....CAC.ATCC.C.TA.....G.....G.G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
88CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG..T..G..G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
89CA.....CAC.ATCC.C.A.....CG..T..G..G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.
90TCA.....CAC.ATCC.C.A.....CG..T..G..G..TG...G..CC.G..CTAT...TG.C.A.

Table S1. *Cerastoderma glaucum*. Frequencies of the mtDNA COI haplotypes per sampling location
 The grouping of the haplotypes (I to VI) corresponds to Fig. 2. See Table 3 for site definitions

Haplogroup	Haplotype number	FI	GD	AL	LV	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK	TOTAL	
I	1	18	15		1																	34	
	2	3																					3
	3	2																					2
	4		2																				2
	5	1																					1
	6		1																				1
	7								17														17
	8								1														1
	9								1														1
	10								1														1
	11								1														1
	12								1														1
II	13			6	17	10	12															45	
	14			5																			5
	15			8																			8
	16				1																		1
	17									10													10
	18									1													1
	19									2													2
	20									1													1
	21									2													2
	22									1													1
	23									1													1
	24									1													1
	25									1													1
	26									1													1
	27									1													1
	28									1													1
	29							1															1
	30							1															1
	31							1															1
	32							1															1
	33						1																1
	34						1																1
	35						1																1
	36						1																1
	37						1																1
	38						1																1
III	39								9			1	2	3								15	
	40												1	5								6	
	41													1								1	
	42													1								1	
	43								1													1	
	44												1	1								2	
	45								1													1	
	46								1													1	
	47								3													3	
	48								1														1
	49								1			1											2
	50								1														1
	51								1														1
IV	52										8											8	
	53										4											4	
	54										4											4	
	55										2											2	
	56										2											2	
	57										1											1	
	58										1											1	
	59										1											1	
	60										1											1	
	61										1											1	
	V	62														7							7
63															1							1	
64															1	1	1					3	
65																	1					1	
66																1						1	
67																	1					1	
68															2	3	1					6	
69																1						1	
70																	1					1	

Table S2. *Cerastoderma glaucum*. Allele frequencies and expected (H_{EXP}), expected without bias (H_{NB}) and observed (H_{OBS}) heterozygosities at 4 microsatellite loci in the population samples. See Table 3 for site definitions

a) Locus *Cg4*

Population	FI	GD	AL	VM	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
N	29	30	28	30	24	22	28	29	23	23	17	21	23	22	17	21	28	21	13	5
Allele	29	30	28	30	24	22	28	29	23	23	17	21	23	22	17	21	28	21	13	5
150	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.15	0.07	0.11	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
154	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
155	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
158	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
160	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
162	0.22	0.33	0.41	0.57	0.73	0.61	0.63	0.72	0.50	0.70	0.56	0.50	0.50	0.00	0.00	0.14	0.05	0.05	0.08	0.00
164	0.00	0.03	0.00	0.00	0.02	0.05	0.02	0.02	0.09	0.00	0.03	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02	0.05	0.10	0.15	0.00
166	0.76	0.18	0.43	0.43	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.12	0.04	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.00	0.00
168	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.03	0.00	0.25	0.31	0.27	0.30
170	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.26	0.11	0.15	0.12	0.22	0.00	0.00	0.00	0.20	0.19	0.15	0.20
172	0.00	0.00	0.07	0.00	0.19	0.23	0.18	0.07	0.04	0.02	0.00	0.07	0.00	0.00	0.09	0.00	0.13	0.07	0.12	0.20
174	0.00	0.00	0.09	0.00	0.04	0.07	0.05	0.03	0.02	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.20	0.14	0.08	0.30
176	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.02	0.07	0.00	0.02	0.04	0.03	0.02	0.00	0.00	0.03	0.00	0.04	0.05	0.00	0.00
178	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02	0.05	0.15	0.00
180	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.05	0.02	0.02	0.00	0.00
182	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.14	0.00	0.10	0.00	0.00	0.00	0.00
184	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07	0.09	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00
186	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
187	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
188	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
189	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.23	0.00	0.19	0.00	0.00	0.00	0.00
191	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.06	0.12	0.00	0.00	0.00	0.00
193	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07	0.12	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
195	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
197	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
199	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
201	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
203	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
205	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.09	0.03	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
208	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
210	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
212	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
214	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.11	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
216	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.14	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
218	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
220	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
222	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
225	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
228	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
230	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
235	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
237	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
H_{EXP}	0.37	0.84	0.63	0.49	0.43	0.56	0.57	0.46	0.67	0.49	0.63	0.71	0.69	0.87	0.93	0.90	0.84	0.83	0.83	0.74
H_{NB}	0.38	0.85	0.65	0.50	0.44	0.58	0.58	0.47	0.69	0.50	0.65	0.72	0.70	0.89	0.96	0.92	0.85	0.85	0.86	0.82
H_{OBS}	0.48	0.90	0.54	0.67	0.54	0.59	0.46	0.55	0.57	0.48	0.76	0.62	0.78	0.91	0.82	0.81	0.75	0.76	0.92	1.00

b) Locus Cg7

Population	FI	G D	AL	VM	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
N	29	30	27	30	24	24	28	29	23	26	23	24	25	22	21	21	28	21	15	6
Allele																				
104	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
105	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.03	0.25
106	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.07	0.07	0.00	0.00
109	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.16	0.02	0.02	0.05	0.05	0.00	0.00
111	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.34	0.37	0.33	0.15	0.10	0.14	0.43	0.29	0.29	0.30	0.26	0.13	0.42
112	0.00	0.00	0.00	0.00	0.33	0.25	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
113	0.03	0.22	0.17	0.33	0.35	0.42	0.02	0.16	0.13	0.25	0.07	0.06	0.02	0.09	0.02	0.17	0.11	0.21	0.27	0.17
114	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
115	0.02	0.00	0.00	0.02	0.04	0.00	0.00	0.03	0.13	0.06	0.02	0.06	0.02	0.02	0.00	0.07	0.18	0.14	0.03	0.00
116	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
117	0.21	0.03	0.00	0.07	0.02	0.00	0.05	0.05	0.07	0.00	0.07	0.04	0.02	0.00	0.02	0.00	0.05	0.02	0.07	0.00
118	0.00	0.00	0.00	0.00	0.10	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
119	0.50	0.58	0.83	0.35	0.06	0.06	0.41	0.12	0.04	0.04	0.15	0.35	0.26	0.00	0.07	0.00	0.04	0.12	0.30	0.17
120	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
121	0.12	0.05	0.00	0.20	0.00	0.10	0.16	0.17	0.07	0.15	0.20	0.23	0.14	0.00	0.02	0.00	0.00	0.07	0.10	0.00
123	0.07	0.08	0.00	0.02	0.00	0.00	0.25	0.03	0.02	0.04	0.17	0.13	0.16	0.00	0.05	0.12	0.11	0.02	0.03	0.00
125	0.03	0.03	0.00	0.02	0.00	0.00	0.05	0.03	0.04	0.08	0.04	0.02	0.12	0.20	0.31	0.21	0.04	0.02	0.00	0.00
128	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.09	0.02	0.13	0.00	0.10	0.00	0.12	0.10	0.02	0.00	0.00	0.00
130	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00
132	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
134	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
136	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
138	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
140	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00
199	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
H_{EXP}	0.68	0.60	0.28	0.72	0.74	0.74	0.74	0.81	0.81	0.79	0.86	0.79	0.84	0.73	0.80	0.82	0.84	0.84	0.80	0.71
H_{NB}	0.70	0.61	0.28	0.73	0.76	0.76	0.75	0.82	0.83	0.81	0.88	0.80	0.86	0.75	0.82	0.84	0.85	0.86	0.83	0.77
H_{OBS}	0.69	0.60	0.33	0.60	0.88	0.83	0.57	0.86	0.83	0.73	0.87	0.71	0.72	0.73	0.71	0.86	0.57	0.62	0.40	0.67

c) Locus Cg9

Population	FI	G D	AL	VM	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
N	27	28	28	25	23	23	26	28	23	27	9	8	23	24	21	22	27	19	16	6
Allele																				
168	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
183	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
187	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.23	0.00	0.00	0.00	0.06	0.13	0.04	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
191	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00	0.09	0.00	0.00	0.05	0.04	0.00	0.00	0.00
194	0.00	0.00	0.20	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.10	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
198	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07	0.11	0.22	0.00	0.19	0.09	0.00	0.02	0.02	0.04	0.00	0.06	0.00
199	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00
200	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
201	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.17	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
202	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.22	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.13	0.00	0.00
203	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.17	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00
205	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.03	0.22	0.08
207	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.10	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
208	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
209	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
210	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.15	0.03	0.06	0.00
211	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.10	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
213	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04	0.08	0.00	0.00
214	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.23	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00
215	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
216	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
217	0.00	0.16	0.63	0.16	0.00	0.00	0.00	0.23	0.22	0.06	0.17	0.25	0.22	0.00	0.02	0.02	0.09	0.24	0.06	0.33
218	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.03	0.00	0.00
219	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.15	0.05	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
221	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.06	0.19	0.02	0.00	0.05	0.00	0.02	0.00	0.03	0.08
223	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
225	0.83	0.66	0.04	0.18	0.30	0.15	0.33	0.11	0.11	0.20	0.17	0.00	0.30	0.00	0.02	0.11	0.26	0.08	0.19	0.00
226	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.02	0.00	0.00	0.08
227	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.21	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.06	0.00
228	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
229	0.11	0.05	0.04	0.66	0.61	0.78	0.19	0.23	0.35	0.37	0.22	0.25	0.11	0.00	0.02	0.11	0.06	0.26	0.16	0.00
230	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
233	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.06	0.00
234	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
237	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08
238	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
240	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08
241	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00
242	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
244	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.08
246	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.07	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00
248	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.15	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
250	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
252	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
253	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04	0.00	0.00	0.00
258	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
260	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
261	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
264	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00
265	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
268	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.02	0.03	0.00	0.00
269	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
272	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.03	0.00
273	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
276	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08
277	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
280	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
284	0.04	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00
285	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
288	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.08

289	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
291	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
292	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
H_{EXP}	0.29	0.53	0.56	0.51	0.53	0.36	0.76	0.82	0.80	0.76	0.83	0.79	0.83	0.88	0.95	0.94	0.88	0.84	0.87	0.83
H_{NB}	0.30	0.54	0.57	0.52	0.54	0.37	0.77	0.83	0.82	0.78	0.88	0.84	0.85	0.90	0.98	0.96	0.90	0.86	0.90	0.91
H_{OBS}	0.11	0.14	0.54	0.64	0.39	0.30	0.54	0.75	0.65	0.48	0.67	0.25	0.57	0.96	0.76	0.77	0.67	0.79	0.56	0.83

d) Locus *Cg11*

Population	FI	G D	AL	VM	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
N	28	29	28	28	24	24	18	29	22	24	17	24	25	24	22	22	28	20	13	5
Allele																				
75	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.15	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00
76	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
81	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
82	0.07	0.21	0.02	0.34	0.02	0.00	0.00	0.10	0.00	0.02	0.32	0.46	0.34	0.85	0.86	0.84	0.18	0.28	0.27	0.20
83	0.21	0.09	0.14	0.16	0.13	0.04	0.06	0.28	0.14	0.21	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
84	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
85	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.06	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.21	0.10	0.08	0.00
86	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.14	0.00	0.00	0.00
87	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
89	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00
90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
92	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.08	0.02	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00
93	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.04	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.09	0.05	0.00	0.00
94	0.11	0.09	0.09	0.11	0.21	0.10	0.00	0.05	0.14	0.00	0.03	0.00	0.06	0.00	0.02	0.00	0.07	0.03	0.00	0.00
95	0.13	0.07	0.04	0.04	0.27	0.35	0.03	0.10	0.16	0.19	0.06	0.08	0.20	0.00	0.00	0.02	0.02	0.05	0.04	0.20
96	0.18	0.07	0.23	0.05	0.10	0.06	0.11	0.07	0.05	0.04	0.03	0.08	0.00	0.04	0.00	0.00	0.11	0.03	0.12	0.00
97	0.11	0.33	0.04	0.13	0.08	0.21	0.44	0.09	0.16	0.13	0.12	0.21	0.06	0.00	0.00	0.00	0.07	0.10	0.08	0.20
98	0.11	0.10	0.36	0.09	0.06	0.06	0.06	0.05	0.20	0.17	0.09	0.10	0.16	0.00	0.00	0.00	0.00	0.18	0.27	0.10
99	0.05	0.03	0.07	0.05	0.04	0.06	0.14	0.10	0.02	0.06	0.03	0.00	0.08	0.00	0.00	0.00	0.02	0.10	0.12	0.20
100	0.00	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.08	0.05	0.00	0.08	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.05	0.04	0.00
101	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.06	0.05	0.07	0.04	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.10
102	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
103	0.02	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00
111	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
H_{EXP}	0.86	0.81	0.78	0.82	0.84	0.80	0.75	0.87	0.86	0.86	0.84	0.72	0.80	0.26	0.24	0.29	0.87	0.85	0.81	0.82
H_{NB}	0.88	0.83	0.80	0.83	0.86	0.82	0.77	0.88	0.88	0.88	0.86	0.73	0.82	0.27	0.25	0.29	0.89	0.87	0.85	0.91
H_{OBS}	0.89	0.62	0.86	0.89	0.71	0.67	0.56	0.72	0.68	0.67	0.82	0.38	0.32	0.29	0.27	0.32	0.68	0.80	1.00	1.00

Table S3. *Cerastoderma glaucum*. Expected heterozygosity without bias (H_{NB}) per locus and across all loci. Exceptionally low H_{NB} values for *Cg11* in the Ionian Sea populations are in **bold**. See Table 3 for site definitions

Site	H_{NB}				
	<i>Cg4</i>	<i>Cg7</i>	<i>Cg9</i>	<i>Cg11</i>	Multilocus
FI	0.38	0.70	0.30	0.88	0.56
GD	0.85	0.61	0.54	0.83	0.71
AL	0.65	0.28	0.57	0.80	0.58
LV	0.50	0.73	0.52	0.83	0.65
AR	0.44	0.76	0.54	0.86	0.65
AN	0.58	0.76	0.37	0.82	0.63
PT	0.58	0.75	0.77	0.77	0.72
BL	0.47	0.82	0.83	0.88	0.75
SA	0.69	0.83	0.82	0.88	0.80
TU	0.50	0.81	0.78	0.88	0.74
SE	0.65	0.88	0.88	0.86	0.82
SM	0.72	0.80	0.84	0.73	0.78
SS	0.70	0.86	0.85	0.82	0.81
GI	0.89	0.75	0.90	0.27	0.70
ET	0.96	0.82	0.98	0.25	0.75
PA	0.92	0.84	0.96	0.29	0.75
GR	0.85	0.85	0.90	0.89	0.87
RO	0.85	0.86	0.86	0.87	0.86
UK	0.86	0.83	0.90	0.85	0.86
BK	0.82	0.77	0.91	0.91	0.85

Table S4. *Cerastoderma glaucum*. Population pairwise F_{ST} values (Weir & Cockerham 1984) calculated for each microsatellite locus separately. Non-significant values are in *grey italics*. See Table 3 for site definitions

a) Locus *Cg4*

	GD	AL	LV	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
FI	0.22	0.12	0.20	0.51	0.45	0.44	0.49	0.41	0.48	0.38	0.32	0.38	0.38	0.36	0.34	0.36	0.39	0.41	0.49
GD		0.04	0.08	0.14	0.10	0.09	0.13	0.07	0.11	0.05	0.02	0.06	0.12	0.08	0.06	0.12	0.13	0.12	0.16
AL			<i>0.02</i>	0.20	0.15	0.15	0.19	0.15	0.18	0.11	0.07	0.13	0.23	0.20	0.17	0.20	0.22	0.22	0.25
LV				0.20	0.18	0.17	0.18	0.18	0.17	0.12	0.09	0.15	0.32	0.29	0.24	0.30	0.31	0.32	0.40
AR					<i>0.00</i>	<i>0.00</i>	<i>0.01</i>	0.10	0.03	0.08	0.07	0.11	0.34	0.30	0.24	0.30	0.32	0.32	0.41
AN						<i>-0.02</i>	<i>0.03</i>	0.07	0.04	0.06	0.03	0.08	0.26	0.22	0.18	0.22	0.24	0.22	0.28
PT							<i>0.01</i>	0.06	<i>0.02</i>	0.05	<i>0.03</i>	0.07	0.27	0.22	0.18	0.23	0.25	0.23	0.29
BL								0.09	<i>0.01</i>	0.06	0.05	0.08	0.32	0.30	0.23	0.30	0.32	0.31	0.40
SA									<i>0.04</i>	<i>0.01</i>	<i>0.01</i>	<i>0.00</i>	0.21	0.17	0.13	0.14	0.15	0.14	0.20
TU										0.03	<i>0.03</i>	0.04	0.30	0.27	0.21	0.26	0.28	0.27	0.35
SE											<i>-0.01</i>	<i>-0.01</i>	0.22	0.19	0.14	0.19	0.20	0.19	0.27
SM												<i>0.00</i>	0.19	0.15	0.11	0.15	0.16	0.15	0.20
SS													0.20	0.17	0.12	0.16	0.17	0.16	0.22
GI														0.05	0.03	0.13	0.13	0.12	0.14
ET															0.03	0.07	0.07	0.07	0.06
PA																0.10	0.10	0.09	0.12
GR																	<i>-0.02</i>	<i>0.00</i>	<i>-0.05</i>
RO																		<i>-0.02</i>	<i>-0.03</i>
UK																			<i>0.01</i>

b) Locus *Cg7*

	GD	AL	LV	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
FI	0.04	0.15	0.07	0.24	0.23	0.03	0.16	0.20	0.20	0.10	0.03	0.07	0.27	0.20	0.22	0.19	0.15	0.06	0.20
GD		0.06	0.05	0.23	0.22	0.06	0.19	0.24	0.22	0.15	0.07	0.10	0.30	0.24	0.24	0.22	0.17	<i>0.05</i>	0.22
AL			0.22	0.42	0.42	0.21	0.37	0.42	0.41	0.34	0.22	0.27	0.49	0.43	0.44	0.40	0.36	0.24	0.47
LV				0.13	0.09	0.08	0.10	0.15	0.11	0.08	0.04	0.08	0.23	0.19	0.16	0.16	0.08	<i>-0.01</i>	0.15
AR					<i>0.00</i>	0.22	0.16	0.16	0.13	0.15	0.18	0.17	0.22	0.20	0.15	0.15	0.11	0.10	0.18
AN						0.21	0.14	0.16	0.11	0.14	0.16	0.16	0.22	0.20	0.15	0.15	0.10	0.07	0.17
PT							0.13	0.17	0.17	0.04	<i>0.00</i>	<i>0.01</i>	0.24	0.16	0.17	0.15	0.13	0.06	0.17
BL								<i>0.00</i>	<i>0.00</i>	0.03	0.06	0.05	0.05	0.06	0.04	0.02	<i>0.00</i>	<i>0.03</i>	<i>0.02</i>
SA									<i>0.00</i>	0.05	0.10	0.07	0.03	0.04	<i>0.02</i>	<i>0.00</i>	<i>0.00</i>	0.06	<i>0.02</i>
TU										0.05	0.09	0.07	0.05	0.06	<i>0.02</i>	0.02	<i>0.00</i>	<i>0.04</i>	<i>0.02</i>
SE											<i>0.02</i>	<i>-0.01</i>	0.11	0.06	0.05	0.05	0.04	<i>0.03</i>	0.08
SM												<i>0.00</i>	0.18	0.12	0.12	0.10	0.06	<i>0.01</i>	0.10
SS													0.12	0.04	0.06	0.06	0.05	<i>0.03</i>	0.08
GI														<i>0.03</i>	<i>0.02</i>	0.04	0.05	0.13	<i>0.05</i>
ET															<i>0.00</i>	0.05	0.06	0.11	0.07
PA																<i>0.01</i>	<i>0.02</i>	0.08	<i>0.05</i>
GR																	<i>-0.01</i>	0.06	<i>0.02</i>
RO																		<i>0.01</i>	<i>0.01</i>
UK																			<i>0.02</i>

c) Locus *Cg9*

	GD	AL	LV	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
FI	0.04	0.55	0.48	0.38	0.57	0.24	0.36	0.36	0.31	0.36	0.49	0.22	0.41	0.36	0.31	0.23	0.38	0.30	0.50
GD		0.36	0.35	0.28	0.46	0.15	0.21	0.22	0.20	0.17	0.28	0.08	0.28	0.23	0.18	0.11	0.22	0.16	0.26
AL			0.37	0.42	0.51	0.31	0.16	0.17	0.27	0.20	0.16	0.16	0.25	0.20	0.22	0.21	0.15	0.23	0.09
LV				0.02	0.03	0.21	0.14	0.07	0.08	0.15	0.17	0.19	0.30	0.24	0.18	0.21	0.12	0.18	0.30
AR					0.03	0.14	0.16	0.09	0.06	0.13	0.19	0.17	0.28	0.22	0.16	0.18	0.14	0.14	0.31
AN						0.27	0.24	0.16	0.14	0.26	0.28	0.29	0.36	0.31	0.26	0.30	0.22	0.26	0.44
PT							0.12	0.11	0.09	0.07	0.12	0.06	0.17	0.11	0.07	0.06	0.11	0.06	0.16
BL								0.02	0.06	0.03	0.02	0.05	0.13	0.07	0.06	0.06	0.03	0.06	0.05
SA									0.01	0.01	0.00	0.04	0.14	0.08	0.05	0.07	0.01	0.04	0.06
TU										0.03	0.03	0.05	0.16	0.10	0.06	0.07	0.05	0.05	0.13
SE											0.00	0.00	0.11	0.04	0.02	0.03	-0.02	0.02	0.03
SM												0.04	0.12	0.05	0.05	0.07	0.02	0.04	-0.01
SS													0.12	0.06	0.04	0.01	0.04	0.03	0.04
GI														0.04	0.05	0.10	0.12	0.10	0.10
ET															0.00	0.05	0.06	0.04	0.03
PA																0.02	0.04	0.02	0.05
GR																	0.05	0.00	0.05
RO																		0.04	0.04
UK																			0.04

d) Locus *Cg11*

	GD	AL	LV	AR	AN	PT	BL	SA	TU	SE	SM	SS	GI	ET	PA	GR	RO	UK	BK
FI	0.04	0.03	0.04	0.01	0.05	0.08	0.00	0.01	0.07	0.07	0.11	0.07	0.37	0.37	0.36	0.07	0.06	0.06	0.03
GD		0.10	0.02	0.06	0.06	0.03	0.05	0.03	0.05	0.03	0.03	0.05	0.32	0.32	0.30	0.07	0.03	0.04	-0.02
AL			0.10	0.08	0.12	0.14	0.07	0.04	0.05	0.12	0.17	0.12	0.45	0.45	0.43	0.12	0.08	0.05	0.10
LV				0.08	0.11	0.12	0.03	0.06	0.06	0.02	0.02	0.02	0.22	0.21	0.20	0.06	0.02	0.03	0.02
AR					0.00	0.11	0.03	0.01	0.02	0.09	0.14	0.07	0.42	0.42	0.40	0.08	0.08	0.09	0.02
AN						0.08	0.06	0.02	0.03	0.10	0.14	0.08	0.45	0.45	0.43	0.11	0.09	0.11	0.00
PT							0.08	0.07	0.07	0.12	0.14	0.15	0.49	0.50	0.48	0.12	0.10	0.12	0.02
BL								0.02	0.00	0.07	0.11	0.07	0.35	0.34	0.34	0.07	0.05	0.06	0.01
SA									0.01	0.07	0.12	0.06	0.43	0.42	0.41	0.08	0.05	0.06	0.00
TU										0.08	0.12	0.06	0.41	0.40	0.39	0.09	0.05	0.06	-0.01
SE											0.01	0.00	0.23	0.24	0.21	0.04	0.00	0.02	0.00
SM												0.02	0.17	0.17	0.15	0.08	0.02	0.03	0.01
SS													0.23	0.23	0.20	0.07	0.00	0.00	-0.05
GI														0.01	-0.01	0.30	0.26	0.32	0.42
ET															0.01	0.31	0.27	0.33	0.43
PA																0.29	0.24	0.30	0.39
GR																	0.03	0.05	0.04
RO																		-0.02	-0.03
UK																			0.01

Table S5. *Cerastoderma glaucum*. F_{IS} values per locus and across all loci. Significant F_{IS} values ($\alpha = 0.05$) are in **bold**. See Table 3 for site definitions

Site	F_{IS}				Multilocus
	<i>Cg4</i>	<i>Cg7</i>	<i>Cg9</i>	<i>Cg11</i>	
FI	-0.27	0.01	0.63	-0.02	0.03
GD	-0.06	0.02	0.74	0.25	0.20
AL	0.17	-0.18	0.07	-0.08	0.02
LV	-0.34	0.18	-0.24	-0.08	-0.09
AR	-0.24	-0.16	0.29	0.18	0.03
AN	-0.02	-0.10	0.18	0.19	0.05
PT	0.20	0.24	0.31	0.29	0.26
BL	-0.17	-0.05	0.10	0.18	0.04
SA	0.18	0.00	0.21	0.23	0.15
TU	0.05	0.10	0.39	0.25	0.21
SE	-0.18	0.01	0.26	0.05	0.05
SM	0.15	0.12	0.72	0.50	0.38
SS	-0.12	0.16	0.34	0.61	0.26
GI	-0.02	0.03	-0.07	-0.10	-0.03
ET	0.15	0.13	0.22	-0.09	0.15
PA	0.13	-0.03	0.20	-0.09	0.09
GR	0.12	0.33	0.26	0.24	0.24
RO	0.10	0.28	0.08	0.09	0.14
UK	-0.07	0.53	0.38	-0.19	0.16
BK	-0.25	0.15	0.09	-0.11	-0.03