

Additional file 6

Supplementary results - reference genome selection via k-mer-based distance estimation

Table. Pairwise genomic distances between *Pristimantis euphronides* and 21 Hyloidea reference genome assemblies. Distances were computed with Mash v2.3 [1] using k = 21 and sketch size = 1,000 between three *P. euphronides* assemblies and 21 publicly available Hyloidea genome assemblies. Values represent Mash distances, an estimate of the Jaccard distance between k-mer sets approximating the fraction of sequence dissimilarity. Color scale: dark green (0, identical) to dark red (0.24, most divergent). Row and column numbers correspond to the legend below.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
1. <i>P. euphronides</i> (primary assembly)																								
2. <i>P. euphronides</i> (hapdup 1)	0.0009																							
3. <i>P. euphronides</i> (hapdup 2)	0.0011	0.0017																						
4. <i>L. rugosus</i>	0.187	0.187	0.187																					
5. <i>L. rhodomystax</i>	0.187	0.187	0.187	0.072																				
6. <i>L. fuscus</i> (hap 2)	0.174	0.171	0.174	0.106	0.104																			
7. <i>L. fuscus</i> (hap 1)	0.174	0.174	0.174	0.108	0.105	0.0013																		
8. <i>L. fallax</i>	0.187	0.187	0.187	0.083	0.082	0.104	0.105																	
9. <i>E. pustulosus</i> (pat.)	0.192	0.192	0.192	0.171	0.178	0.174	0.174	0.171																
10. <i>E. pustulosus</i> (mat.)	0.174	0.178	0.174	0.171	0.178	0.165	0.165	0.162	0.017															
11. <i>E. pustulosus</i>	0.178	0.182	0.182	0.171	0.168	0.178	0.178	0.165	0.024	0.023														
12. <i>S. boesemani</i>	0.197	0.197	0.197	0.197	0.182	0.174	0.174	0.174	0.192	0.178	0.187													
13. <i>O. oophagus</i>	0.178	0.178	0.178	0.174	0.178	0.174	0.174	0.165	0.182	0.171	0.174	0.148												
14. <i>H. sarda</i> (hap 1)	0.178	0.178	0.178	0.187	0.197	0.204	0.204	0.165	0.197	0.197	0.182	0.174	0.171											
15. <i>E. coqui</i> (hap 2)	0.152	0.154	0.152	0.187	0.174	0.197	0.197	0.211	0.230	0.211	0.211	0.182	0.174	0.182										
16. <i>E. coqui</i> (hap 1)	0.157	0.159	0.157	0.182	0.171	0.187	0.187	0.211	0.220	0.220	0.220	0.187	0.178	0.182	0.0091									
17. <i>E. coqui</i>	0.157	0.159	0.157	0.178	0.182	0.192	0.192	0.204	0.230	0.211	0.220	0.187	0.182	0.187	0.010	0.011								
18. <i>R. imitator</i>	0.174	0.178	0.174	0.171	0.192	0.187	0.187	0.178	0.182	0.182	0.182	0.204	0.204	0.197	0.192	0.197	0.197							
19. <i>B. viridis</i> (buVir1)	0.204	0.204	0.204	0.174	0.182	0.178	0.178	0.171	0.204	0.182	0.192	0.178	0.178	0.211	0.182	0.174	0.187	0.174						
20. <i>B. viridis</i>	0.211	0.211	0.211	0.187	0.182	0.178	0.178	0.178	0.211	0.187	0.197	0.187	0.182	0.211	0.182	0.174	0.187	0.171	0.0055					
21. <i>B. gargarizans</i>	0.192	0.192	0.192	0.168	0.197	0.178	0.178	0.192	0.178	0.187	0.182	0.204	0.174	0.192	0.192	0.187	0.197	0.192	0.089	0.090				
22. <i>B. bufo</i>	0.197	0.197	0.197	0.168	0.192	0.168	0.171	0.165	0.187	0.178	0.182	0.187	0.192	0.197	0.182	0.174	0.187	0.174	0.084	0.084	0.049			
23. <i>A. baeobatrachus</i> (hap 2)	0.204	0.204	0.204	0.197	0.211	0.204	0.211	0.182	0.187	0.197	0.204	0.192	0.220	0.192	0.197	0.192	0.204	0.137	0.211	0.204	0.187	0.182		
24. <i>A. baeobatrachus</i> (hap 1)	0.197	0.204	0.197	0.211	0.197	0.197	0.204	0.174	0.197	0.192	0.197	0.197	0.244	0.192	0.197	0.192	0.204	0.134	0.192	0.182	0.187	0.182	0.010	

Legend: 1, *Pristimantis euphronides*, Medaka-polished Flye assembly (primary assembly); 2, *Pristimantis euphronides*, haplotype-resolved assembly 1 (hapdup_dual_1); 3,

Pristimantis euphronides, haplotype-resolved assembly 2 (hapdup_dual_2); **4**, *Leptodactylus rugosus*, GCA_046271005.1; **5**, *Leptodactylus rhodomystax*, GCA_046270665.1; **6**, *Leptodactylus fuscus* hap 2, GCA_031893055.1; **7**, *Leptodactylus fuscus* hap 1, GCA_031893025.1; **8**, *Leptodactylus fallax*, GCA_947044405.1; **9**, *Engystomops pustulosus* paternal, GCA_040894015.1; **10**, *Engystomops pustulosus* maternal, GCF_040894005.1; **11**, *Engystomops pustulosus*, GCA_019512145.1; **12**, *Scinax boesemani*, GCA_046270805.1; **13**, *Osteocephalus oophagus*, GCA_046270745.1; **14**, *Hyla sarda* hap 1, GCF_029499605.1; **15**, *Eleutherodactylus coqui* hap 2, GCA_035609135.1 (GenBank); **16**, *Eleutherodactylus coqui* hap 1, GCF_035609145.1 (RefSeq); **17**, *Eleutherodactylus coqui*, GCA_019857665.1; **18**, *Ranitomeya imitator*, GCF_032444005.1; **19**, *Bufo viridis* isolate Lasithi_1F, GCA_033119425.1; **20**, *Bufo viridis* isolate GR57, GCA_037900795.1; **21**, *Bufo gargarizans*, GCF_014858855.1; **22**, *Bufo bufo*, GCF_905171765.1; **23**, *Anomaloglossus baeobatrachus* hap 2, GCA_048569465.1; **24**, *Anomaloglossus baeobatrachus* hap 1, GCA_048569485.1.

Reference

1. Ondov BD, Treangen TJ, Melsted P, Mallonee AB, Bergman NH, Koren S, et al. Mash: fast genome and metagenome distance estimation using MinHash. *Genome Biol.* 2016;17(1):132.