

Online Resource 1 Samples, types and voucher numbers of *Ramisyllis kingidorahi* n. sp.

Code	Sponge number	Sex	Fixative	Tissue	Types	Voucher number
SA1	1	female 1	EtOH 100%	general tissue	Holotype	ZMUG 29568
SA2	1	female 1	EtOH 100%	Protomium & proventricle	Holotype	ZMUG 29568
SA3	1	female 1	EtOH 100%	stolons female	Holotype	ZMUG 29568/ MNCNM 16.01/19089
SA4	1	female 1	EtOH 100%	general tissue	Holotype	ZMUG 29568
SA5	1	female 1	EtOH 100%	general tissue	Holotype	ZMUG 29568
SA6	1	female 1	EtOH 100%	general tissue	Holotype	MNCNM 16.01/19090
SA7	2	male 1	RNAlater	stolons male	Paratype 1	ZMUG 29569
SA8	2	male 1	EtOH 100%	stolon male for SEM	Paratype 1	ZMUG 29569
SA9	2	male 1	EtOH 100%	general tissue	Paratype 1	ZMUG 29569
SA10	2	male 1	EtOH 70%	general tissue	Paratype 1	ZMUG 29569
SA11	2	male 1	EtOH 70%	general tissue	Paratype 1	MNCNM 16.01/19091
SA17	2	male 1	RNAlater	general tissue	Paratype 1	ZMUG 29569
SA18	2	male 1	RNAlater	general tissue general tissue + some	Paratype 1	ZMUG 29569
SA19	2	male 1	PBS	stolons	Paratype 1	MNCNM 16.01/19092
SA22	2	male 1	RNAlater	stolons male	Paratype 1	ZMUG 29569
SA27	3	female 2	RNAlater	general tissue	Additional material	ZMUG 29570
SA28	4	male 2	EtOH 100%	general tissue	Paratype 2	ZMUG 29571
SA33	4	male 2	RNAlater	stolons male	Paratype 2	ZMUG 29571
SA34	4	male 2	RNAlater	general tissue	Paratype 2	ZMUG 29571
SA37	5	male 3	RNAlater	stolons male	Additional material	ZMUG 29572
SA40	5	male 3	RNAlater	general tissue	Additional material	ZMUG 29572
SA43	6	non repro	RNAlater	general tissue	Paratype 3	ZMUG 29573
SA46	6	non repro	EtOH 100%	general tissue	Paratype 3	ZMUG 29573/ MNCNM 16.01/19093
SA51	7	female 3	RNAlater	stolons female	Additional material	ZMUG 29574
SA53	7	female 3	EtOH 100%	general tissue	Additional material	ZMUG 29574
SA54	7	female 3	RNAlater	general tissue	Additional material	ZMUG 29574
SA55	7	female 3	methanol	general tissue	Additional material	ZMUG 29574
SA56	7	female 3	methanol	general tissue	Additional material	ZMUG 29574
SA57	7	female 3	methanol	general tissue	Additional material	ZMUG 29574
SA58	7	female 3	methanol	general tissue	Additional material	ZMUG 29574
SA61	9	male 4	PBS	general tissue		
SA62	9	male 4	EtOH 100%	general tissue	Paratype 4	ZMUG 29576
SA63	10	non repro	EtOH 100%	general tissue	Paratype 5	ZMUG 29577
SA64	11	male 5	methanol	general tissue	Additional material	ZMUG 29578
SA65	11	male 5	methanol	general tissue	Additional material	ZMUG 29578
SA69	12	non repro	RNAlater	general tissue	Additional material	ZMUG 29579
SA70	13	male 6	EtOH 100%	general tissue	Additional material	ZMUG 29580
SA75	15	female 4	EtOH 100%	segments	Additional material	ZMUG 29582
SA76	15	female 4	EtOH 100%	general tissue + one stolon	Additional material	ZMUG 29582

SA77	15	female 4	RNAlater	stolons female	Additional material	ZMUG 29582
SA79	15	female 4	RNAlater	general tissue	Additional material	ZMUG 29582
SA85	16	male 7	RNAlater	general tissue	Paratype 6	ZMUG 29583
SA87	16	male 7	EtOH 100%	general tissue	Paratype 6	ZMUG 29583/ MNCNM 16.01/19094
SA88	16	male 7	EtOH 100%	general tissue	Paratype6	MNCNM 16.01/19095
SA90	16	male 7	EtOH 100%	stolons male	Paratype 6	MNCNM 16.01/19096
SA91	16	male 7	PFA 4%	stolons male	Paratype 6	ZMUG 29583
SA95	17	male 8	EtOH 100%	general tissue	Additional material	ZMUG 29584
SA96	18	non repro	EtOH 100%	general tissue	Paratype 7	ZMUG 29585
SA102	19	male 9	EtOH 100%	general tissue	Paratype 8	ZMUG29586
SA104	20	sponge and worm inside	PFA 4%	sponge with worm	Additional material	ZMUG 29587
SA107	22	male 10	EtOH 100%	general tissue	Additional material	ZMUG 29589
SA110	23	sponge and worm inside	EtOH 100%	sponge with worm	Additional material	ZMUG 29590
SA111	24	sponge and worm inside	EtOH 100%	sponge with worm	Additional material	ZMUG 29591
SA112	25	sponge and worm inside	EtOH 100%	sponge with worm	Additional material	ZMUG 29592
SA113	27	sponge and worm inside	EtOH 100%	sponge with worm	Additional material	ZMUG 29593
SA114	26	sponge and worm inside	PFA 4%	sponge with worm	Additional material	ZMUG 29594
SA116		stolons male	EtOH 100%	stolons male	Additional material	ZMUG 29595
SA117		stolons female	EtOH 100%	stolons female	Additional material	ZMUG 29597
SA118		stolons male	EtOH 100%	stolons male	Additional material	ZMUG 29598
SA119	2	male 1	EtOH 100%	general tissue	Paratype 1	ZMUG 29569
SA220	21	Female 5	EtOH 70%	general tissue	Paratype 9	NSMT Pol P-843

Online Resource 2 Specific primers used for *Ramisyllis*

Gene	Primer name	Primer sequence
Nuclear		
18S rDNA	FW1	5'-ACCCAGAGCT AATACA-3'
	RW1	5'-GACCAGAGCA AACTAC-3'
	FW2	5'-GAAGTGCTGG ATGGAA3'
	RW2	5'-GGCCGAAATC AGAGAA-3'
	FW3	5'-TGAGAGAGACA ATGCAGA-3'
	RW3	5'-AGGGGCAAAC ACTGAA-3'
	Rmulti18S_3rd Fwd	5'-CTCGCCTTCTCTGATTT-3'
	Rmulti18S_3rd Rev	5'-TTACTTGGCCTCACCT-3'
ITS2	SA_FW1	5'-CATTGCACTTGTTTCCT-3'
	SA_RW1	5'-ACCTCTTTTCACCCTC-3'
28S rDNA	SA_FW2	5'-GAGGGTTGTGGGTGGTA-3'
	SA_RW2	5'-CAGATGGTCTAAGGGCG-3'
	SA_FW3	5'-TGGAGATGGTGAGATG-3'
	SA_RW3	5'-GATGAAACTGCGATTG3'
	SA_FW4	5'-AGGGGCGAAAGACTAA-3'
	SA_RW4	5'-CGCAGAAAGGGGGTAT-3'
	SA_FW5	5'-GAAGGGGAGAAGGGTT-3'
	SA_RW5	5'-GTTTTTCGAGAGGCTATGT-3'
	SA_FW6	5'-TTAAGTGGCCGGGAAT-3'
	SA_RW6	5'-GCCCCGCGTTATCTTTT-3'
	SA_FW7	5'-GTCACACAAGAGCTAAGT-3'
	SA_RW7	5'-CCACCGCAAACCAGA-3'
Mitochondrial		
COI_extension	RM_Fwd	5'-CGGGTTTGGGAATCATTT-3'
	RM_RW	5'-TGGGTAGATTGATGGGT-3'
	SA_FW	5'-CACTACGCCTCAAAAA-3'
	SA_RW	5'-GGTAGGTTGGTGAATG-3'

Online Resource 3 Gene content of the mitochondrial genome of *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp.

Gene	Start position	Stop position	Strand	Size (bp)	Start codon	Stop Codon
Control Region	1	822		821	n.a.	n.a.
trnL1(cta)	823	889	+	66	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 2	890	958	+	68	n.a.	n.a.
trnK(aaa)	959	1024	+	65	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 3	1025	1168	+	143	n.a.	n.a.
trnT(aca)	1169	1231	+	62	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 4	1232	1552	+	320	n.a.	n.a.
trnD(gac)	1553	1616	+	63	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 5	1617	1707	+	90	n.a.	n.a.
trnE(gaa)	1708	1772	+	64	n.a.	n.a.
trnQ(caa)	1772	1839	+	67	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 6	1840	1973	+	133	n.a.	n.a.
nad2	1974	2987	+	1013	ATG	TAA
Intergenic spacer 7	2988	3008	+	20	n.a.	n.a.
nad3	3009	3362	+	353	ATG	TAA
Intergenic spacer 8	3363	3396	+	33	n.a.	n.a.
trnN(aac)	3397	3463	+	66	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 9	3464	3467	+	3	n.a.	n.a.
trnI(atac)	3468	3532	+	64	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 10	3533	3566	+	33	n.a.	n.a.
trnS2(tca)	3567	3631	+	64	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 11	3632	3642	+	10	n.a.	n.a.
trnM(atg)	3643	3705	+	62	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 12	3706	3709	+	3	n.a.	n.a.
trnW(tga)	3710	3778	+	68	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 13	3779	3829	+	50	n.a.	n.a.
trnF(ttc)	3830	3891	+	61	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 14	3892	3916	+	24	n.a.	n.a.
trnH(cac)	3917	3980	+	63	n.a.	n.a.
trnY(tac)	3981	4043	+	62	n.a.	n.a.
trnV(gta)	4043	4106	+	63	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 15	4107	4107	+	0	n.a.	n.a.
trnA(gca)	4108	4174	+	66	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 16	4175	4177	+	2	n.a.	n.a.
trnR(cga)	4178	4231	+	53	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 17	4232	4240	+	8	n.a.	n.a.
cox1	4241	5777	+	1536	ATG	TAA
cox2	5777	6476	+	699	ATG	TAA
Intergenic spacer 18	6477	6480	+	3	n.a.	n.a.
cob	6481	7642	+	1161	ATG	TAG
trnL2(tta)	7616	7680	+	64	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 19	7681	7687	+	6	n.a.	n.a.

atp6	7688	8375	+	687	ATG	TAA
nad4l	8375	8671	+	296	ATG	TAA
nad4	8664	9984	+	1320	ATG	TAA
Intergenic spacer 20	9985	9988	+	3	n.a.	n.a.
trnP(cca)	9989	10055	+	66	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 21	10056	10057	+	1	n.a.	n.a.
nad1	10058	10979	+	921	ATG	TAG
Intergenic spacer 22	10980	11004	+	24	n.a.	n.a.
trnC(tgc)	11005	11063	+	58	n.a.	n.a.
atp8	11063	11222	+	159	ATG	TAA
cox3	11219	12001	+	782	ATA	TAA
Intergenic spacer 23	12002	12003	+	1	n.a.	n.a.
trnS1(aga)	12004	12073	+	69	n.a.	n.a.
nad5	12157	13840	+	1683	ATC	TAA
trnG(gga)	13839	13909	+	70	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 24	13910	14062	+	152	n.a.	n.a.
rrnL	14063	15074	+	1011	n.a.	n.a.
Intergenic spacer 25	15075	15095	+	20	n.a.	n.a.
rrnS	15096	15891	+	795	n.a.	n.a.
nad6	15886	16357	+	471	ATG	TAA

Online Resource 4 Codon usage in *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp. The relative synonymous codon usage (RSCU) is the number of times a codon appears in a gene divided by the number of expected occurrences under equal codon usage

Codon	AA	Obs. Freq.	RSCU
UAG	*	2	0.308
UAA	*	11	1.692
GCU	A	46	0.92
GCG	A	9	0.18
GCC	A	77	1.54
GCA	A	68	1.36
UGU	C	12	0.923
UGC	C	14	1.077
GAU	D	29	1.018
GAC	D	28	0.982
GAG	E	13	0.388
GAA	E	54	1.612
UUU	F	123	1.16
UUC	F	89	0.84
GGU	G	13	0.325
GGG	G	48	1.2
GGC	G	26	0.65
GGA	G	73	1.825
CAC	H	51	1.052
CAU	H	46	0.948
AUU	I	185	1.125
AUC	I	144	0.875
AAA	K	84	1.768
AAG	K	11	0.232
CUA	L	208	2.286
CUC	L	43	0.473
CUG	L	25	0.275
CUU	L	88	0.967
UUA	L	205	1.898
UUG	L	11	0.102
AUG	M	40	0.245
AUA	M	287	1.755
AAC	N	76	0.91
AAU	N	91	1.09
CCU	P	55	1.122
CCG	P	9	0.184
CCC	P	76	1.551
CCA	P	56	1.143
CAG	Q	7	0.212
CAA	Q	59	1.788
CGA	R	30	2.222
CGC	R	11	0.815
CGG	R	5	0.37
CGU	R	8	0.593
AGC	S	9	0.178
AGA	S	70	1.386
UCA	S	124	2.455
UCC	S	79	1.564
UCG	S	7	0.139
UCU	S	92	1.822
AGG	S	15	0.297
AGU	S	8	0.158
ACA	T	121	1.786
ACC	T	71	1.048
ACG	T	8	0.118
ACU	T	71	1.048
GUC	V	23	0.582
GUG	V	14	0.354
GUU	V	36	0.911
GUA	V	85	2.152
UGA	W	75	1.579
UGG	W	20	0.421
UAC	Y	58	0.959
UAU	Y	63	1.041

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	SA28	SA1	SA53	SA9	SA46	SA87	RM5	RM1	RM2	RM6	RM3	RM4	RM7
1 SA28		0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17
2 SA1	0,01		0,01	0,01	0,01	0,01	0,17	0,17	0,17	0,18	0,18	0,17	0,17
3 SA53	0,01	0,01		0,01	0	0,01	0,18	0,18	0,17	0,18	0,18	0,18	0,18
4 SA9	0,01	0,01	0,01		0	0	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17	0,18	0,18
5 SA46	0,01	0,01	0,00	0,00		0	0,18	0,18	0,17	0,17	0,17	0,18	0,18
6 SA87	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00		0,17	0,17	0,17	0,17	0,17	0,18	0,18
7 RM5	0,20	0,20	0,21	0,21	0,21	0,21		0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
8 RM1	0,20	0,20	0,21	0,21	0,21	0,21	0,01		0	0,01	0,01	0,01	0,01
9 RM2	0,20	0,20	0,21	0,20	0,21	0,20	0,01	0,00		0,01	0,01	0	0,01
10 RM6	0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,01	0,01	0,01		0	0	0,01
11 RM3	0,21	0,22	0,21	0,20	0,21	0,20	0,01	0,01	0,01	0,00		0	0,01
12 RM4	0,21	0,20	0,22	0,21	0,22	0,21	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00		0
13 RM7	0,21	0,20	0,22	0,21	0,22	0,21	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	

Online Resource 5 Genetic divergences between *Ramisyllis multicaudata* (RM) and *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp. (SA) measured in COI using the Tajima-Nei model, shown in the lower left corner, and p-distance in the upper right corner. Distance divergence values between specimens of *Ramisyllis* in blue

	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	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48					
1 RM1		0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,17	0,18	0,17	0,18	0,18	0,17	0,24	0,24	0,24	0,23	0,24	0,24	0,23	0,27	0,23	0,25	0,25	0,24	0,24	0,25	0,23	0,22	0,23	0,26	0,27	0,24	0,25	0,24	0,24	0,23	0,23	0,28	0,28	0,27	0,27	0,30	0,29	0,29	0,29	0,30	0,26					
2 RM7		0	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,17	0,18	0,18	0,18	0,18	0,18	0,24	0,24	0,24	0,23	0,24	0,25	0,23	0,27	0,24	0,25	0,25	0,24	0,24	0,25	0,24	0,22	0,23	0,26	0,26	0,24	0,24	0,24	0,24	0,23	0,23	0,27	0,28	0,28	0,27	0,30	0,28	0,28	0,29	0,29	0,27					
3 RM2		0	0	0	0	0	0	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3				
4 RM5		0,01	0,01	0,01	0	0	0	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3				
5 RM6		0,00	0,00	0,00	0,00	0	0	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3				
6 RM3		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3			
7 RM4		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3			
8 SA28		0,20	0,21	0,20	0,20	0,21	0,21	0,21	0	0	0	0	0	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3		
9 SA53		0,21	0,22	0,21	0,21	0,22	0,22	0,22	0,01	0	0	0	0	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3		
10 SA9		0,21	0,21	0,20	0,21	0,21	0,21	0,21	0,01	0,01	0	0	0	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3		
11 SA1		0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,01	0,00	0,00	0	0	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	
12 SA46		0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,21	0,01	0,00	0,00	0,00	0	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	
13 SA87		0,21	0,21	0,20	0,21	0,21	0,21	0,21	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	
14 Trypanobia_asterobia		0,30	0,29	0,30	0,30	0,30	0,30	0,31	0,32	0,31	0,31	0,31	0,31	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	
15 Trypanedenta_gigantea		0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
16 Trypanosyllis_depressa		0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,31	0,32	0,32	0,32	0,32	0,29	0,27	0,1	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
17 Trypanobia_cryptica		0,28	0,28	0,28	0,27	0,28	0,28	0,31	0,32	0,31	0,31	0,31	0,31	0,27	0,25	0,15	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	
18 Pseudosyllis_brevipennis_1		0,30	0,29	0,30	0,29	0,29	0,29	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,32	0,33	0,33	0,28	0,3	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	
19 Trypanospina_martini		0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,33	0,30	0,31	0,31	0,33	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2
20 pseudosyllis_brevipennis_2		0,29	0,28	0,28	0,28	0,29	0,29	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,32	0,31	0,32	0,28	0,18	0,34	0,3	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
21 Trypanosyllis_estebani		0,34	0,34	0,34	0,34	0,34	0,34	0,38	0,38	0,39	0,39	0,39	0,39	0,43	0,37	0,35	0,36	0,35	0,37	0,37	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
22 Trypanosyllis_luzonensis_Tluzo1		0,29	0,29	0,28	0,29	0,29	0,29	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,32	0,32	0,28	0,27	0,29	0,29	0,30	0,29	0,30	0,29	0,25	0,20	0,20	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2	
23 Trypanosyllis_cristoboi		0,32	0,31	0,31	0,32	0,31	0,31	0,32	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,32	0,32	0,32	0,32	0,30	0,32	0,32	0,33	0,27	0	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
24 Trypanosyllis_sp		0,32	0,31	0,31	0,32	0,31	0,31	0,32	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,32	0,32	0,32	0,32	0,30	0,32	0,32	0,33	0,27	0,00	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
25 Trypanosyllis_luzonensis_Tluzo19		0,30	0,29	0,30	0,29	0,29	0,29	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,31	0,32	0,32	0,28	0,27	0,29	0,29	0,30	0,29	0,25	0,20	0,20	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,2
26 Trypanosyllis_aeolis		0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,33	0,33	0,33	0,32	0,32	0,32	0,32	0,34	0,32	0,31	0,32	0,32	0,34	0,28	0,28	0,24	0,25	0,25	0,22	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
27 Trypanosyllis_krohnii		0,30	0,31	0,30	0,30	0,31	0,31	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32	0,35	0,29	0,31	0,28	0,31	0,32	0,25	0,23	0,24	0,25	0,25	0,23	0,22	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3
28 Trypanosyllis_sanchezi		0,29	0,2																																																		

	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	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42		
1 RM1		0,00	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,09	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,23	0,23	0,21	0,22	0,21	0,23	0,24	0,23	0,22	0,22	0,23	0,24	0,26	0,25	0,24	0,24	0,24	0,25	0,24	0,23	0,27	0,22	0,24	0,24	0,26	0,24	0,24	0,26		
2 RM7		0	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,23	0,23	0,21	0,22	0,21	0,23	0,24	0,23	0,22	0,22	0,24	0,25	0,26	0,25	0,24	0,25	0,25	0,25	0,24	0,23	0,28	0,22	0,24	0,24	0,26	0,24	0,24	0,26		
3 RM3		0,01	0	0	0	0,003	0,003	0,098	0,095	0,095	0,095	0,095	0,095	0,095	0,231	0,232	0,208	0,219	0,207	0,231	0,236	0,23	0,216	0,216	0,235	0,247	0,253	0,246	0,24	0,245	0,245	0,254	0,233	0,228	0,277	0,216	0,237	0,239	0,261	0,233	0,235	0,26		
4 RM6		0,01	0,00	0,00	0	0,003	0,003	0,098	0,095	0,095	0,095	0,095	0,095	0,095	0,231	0,232	0,208	0,219	0,207	0,231	0,236	0,23	0,216	0,216	0,235	0,247	0,253	0,246	0,24	0,245	0,245	0,254	0,233	0,228	0,277	0,216	0,237	0,239	0,261	0,233	0,235	0,26		
5 RM4		0,01	0,00	0,00	0,00	0,003	0,003	0,098	0,095	0,095	0,095	0,095	0,095	0,095	0,231	0,232	0,208	0,219	0,207	0,231	0,236	0,23	0,216	0,216	0,235	0,247	0,253	0,246	0,24	0,245	0,245	0,254	0,233	0,228	0,277	0,216	0,237	0,239	0,261	0,233	0,235	0,26		
6 RM5		0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0	0,095	0,093	0,093	0,093	0,093	0,093	0,093	0,231	0,232	0,208	0,216	0,204	0,231	0,236	0,23	0,216	0,216	0,232	0,245	0,253	0,246	0,237	0,242	0,242	0,254	0,233	0,228	0,274	0,216	0,235	0,239	0,258	0,233	0,233	0,26		
7 RM2		0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,095	0,093	0,093	0,093	0,093	0,093	0,093	0,231	0,232	0,208	0,216	0,204	0,231	0,236	0,23	0,216	0,216	0,232	0,245	0,253	0,246	0,237	0,242	0,242	0,254	0,233	0,228	0,274	0,216	0,235	0,239	0,258	0,233	0,233	0,26		
8 SA1		0,10	0,10	0,11	0,11	0,11	0,10	0,10	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,003	0,211	0,214	0,188	0,197	0,173	0,231	0,226	0,227	0,237	0,237	0,242	0,227	0,263	0,248	0,23	0,232	0,232	0,244	0,225	0,223	0,259	0,219	0,242	0,234	0,248	0,256	0,217	0,23		
9 SA87		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,00	0	0	0	0	0	0,214	0,214	0,186	0,195	0,171	0,229	0,226	0,227	0,237	0,237	0,241	0,227	0,261	0,246	0,228	0,23	0,23	0,244	0,223	0,223	0,259	0,217	0,24	0,232	0,246	0,254	0,215	0,22		
10 SA9		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,00	0,00	0	0	0	0	0,213	0,214	0,185	0,195	0,171	0,228	0,226	0,227	0,237	0,237	0,24	0,227	0,26	0,246	0,227	0,23	0,23	0,244	0,223	0,223	0,259	0,216	0,24	0,231	0,246	0,253	0,215	0,22		
11 SA88		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,00	0,00	0,00	0	0	0	0,213	0,214	0,185	0,195	0,171	0,228	0,226	0,227	0,237	0,237	0,24	0,227	0,26	0,246	0,227	0,23	0,23	0,244	0,223	0,223	0,259	0,216	0,24	0,231	0,246	0,253	0,215	0,22		
12 SA53		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0	0	0,213	0,214	0,185	0,195	0,171	0,228	0,226	0,227	0,237	0,237	0,24	0,227	0,26	0,246	0,227	0,23	0,23	0,244	0,223	0,223	0,259	0,216	0,24	0,231	0,246	0,253	0,215	0,22		
13 SA28		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0	0	0,213	0,214	0,185	0,195	0,171	0,228	0,226	0,227	0,237	0,237	0,24	0,227	0,26	0,246	0,227	0,23	0,23	0,244	0,223	0,223	0,259	0,216	0,24	0,231	0,246	0,253	0,215	0,22		
14 SA46		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0	0,213	0,214	0,185	0,195	0,171	0,228	0,226	0,227	0,237	0,237	0,24	0,227	0,26	0,246	0,227	0,23	0,23	0,244	0,223	0,223	0,259	0,216	0,24	0,231	0,246	0,253	0,215	0,22		
15 Trypanobia_cryptica		0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,06	0,178	0,178	0,171	0,242	0,254	0,206	0,272	0,272	0,247	0,253	0,285	0,258	0,243	0,253	0,253	0,254	0,253	0,262	0,274	0,247	0,253	0,249	0,238	0,269	0,212	0,23			
16 Trypanosyllis_depressa		0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,06	0,181	0,166	0,164	0,23	0,246	0,212	0,28	0,28	0,254	0,258	0,282	0,26	0,239	0,246	0,246	0,256	0,254	0,256	0,274	0,235	0,249	0,237	0,242	0,26	0,211	0,23			
17 Trypanobia_asterobia		0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22	0,21	0,21	0,155	0,141	0,202	0,223	0,198	0,274	0,274	0,241	0,231	0,266	0,26	0,239	0,234	0,234	0,247	0,242	0,262	0,272	0,238	0,238	0,237	0,254	0,244	0,206	0,22			
18 Trypanedenta_gigantea		0,26	0,27	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,24	0,23	0,23	0,23	0,23	0,23	0,21	0,19	0,18	0,142	0,222	0,233	0,191	0,267	0,267	0,235	0,246	0,276	0,263	0,231	0,224	0,224	0,245	0,225	0,235	0,276	0,24	0,24	0,234	0,249	0,243	0,208	0,24			
19 Trypanedenta_gemmipara		0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,24	0,24	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20	0,19	0,16	0,16	0,19	0,196	0,16	0,249	0,249	0,232	0,224	0,25	0,237	0,205	0,191	0,191	0,213	0,242	0,248	0,244	0,208	0,224	0,215	0,23	0,238	0,202	0,21				
20 Pseudosyllisbrevipennis1		0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,30	0,28	0,24	0,27	0,23	0,052	0,225	0,255	0,255	0,263	0,266	0,285	0,27	0,247	0,239	0,239	0,243	0,232	0,245	0,253	0,244	0,247	0,256	0,253	0,28	0,221	0,22			
21 Pseudosyllisbrevipennis2		0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,32	0,30	0,27	0,28	0,23	0,05	0,231	0,256	0,256	0,274	0,274	0,295	0,272	0,27	0,253	0,253	0,258	0,259	0,267	0,283	0,268	0,272	0,273	0,285	0,283	0,236	0,26			
22 Trypanospina_martini		0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,25	0,25	0,23	0,22	0,18	0,28	0,28	0,263	0,263	0,251	0,254	0,287	0,278	0,239	0,272	0,272	0,245	0,263	0,163	0,166	0,179	0,189	0,193	0,17	0,147	0,169	0,171	0,255	0,217	0,22
23 Trypanosyllis_cristoboi		0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,35	0,36	0,35	0,34	0,31	0,32	0,32	0,34	0	0,224	0,202	0,237	0,209	0,207	0,193	0,193	0,209	0,191	0,207	0,237	0,195	0,203	0,21	0,219	0,26	0,227	0,25			
24 Trypanosyllis_sp		0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,26	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,35	0,36	0,35	0,34	0,31	0,32	0,32	0,34	0,00	0,224	0,202	0,237	0,209	0,207	0,193	0,193	0,209	0,191	0,207	0,237	0,195	0,203	0,21	0,219	0,26	0,227	0,25			
25 T_luzonensis_Tluzo1		0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,28	0,28	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,31	0,32	0,30	0,29	0,29	0,33	0,35	0,31	0,27	0,27	0,102	0,202	0,205	0,158	0,174	0,174	0,175	0,2	0,194	0,216	0,193	0,161	0,175	0,187	0,25	0,217	0,21			
26 T_luzonensis_Tluzo19		0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,32	0,32	0,28	0,30	0,27	0,34	0,35	0,32	0,24	0,24	0,11	0,199	0,192	0,155	0,163	0,163	0,166	0,179	0,189	0,193	0,17	0,147	0,169	0,171	0,255	0,217	0,22			
27 Trypanosyllis_aeolis		0,32	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32	0,33	0,33	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32	0,37	0,36	0,34	0,35	0,31	0,37	0,38	0,38	0,29	0,29	0,24	0,24	0,197	0,177	0,184	0,184	0,201	0,172	0,178	0,207	0,16	0,176	0,14	0,172	0,247	0,253	0,24		
28 T_cf_krohnii_Tk41		0,31	0,31	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,31	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,32	0,33	0,33	0,33	0,29	0,34	0,34	0,36	0,25	0,25	0,24	0,22	0,24	0,135	0,129	0,129	0,148	0,132	0,14	0,164	0,151	0,156	0,13	0,154	0,248	0,212	0,24			
29 Trypanosyllis_californiensis		0,29	0,30	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,28	0,28	0,27	0,27	0,27	0,27	0,30	0,29	0,29	0,28	0,24	0,31	0,34	0,30	0,25	0,25	0,18	0,18	0,21	0,15	0,103	0,103	0,098	0,135	0,135	0,145	0,112	0,12	0,114	0,119	0,256	0,211	0,22			
30 Trypanosyllis_leivai_2		0,30	0,31	0,30	0,30	0,30	0,30	0,30	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28	0,31	0,30	0,29	0,27	0,22	0,29	0,31	0,35	0,23	0,23	0,20	0,19	0,22	0,14	0,11	0,00	0,099	0,147	0,152											

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 RM1												
2 RM7	0											
3 RM4	0	0										
4 RM2	0,00	0,00	0,00									
5 RM5	0,00	0,00	0,00	0,00								
6 RM3	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
7 RM6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
8 SA53	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04					
9 SA9	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,00			
10 SA87	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,00	0,00		
11 SA88	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,00	0,00	0,00	
12 SA1	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00

Online Resource 8 Genetic divergences between *Ramisyllis multicaudata* (RM) and *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp. (SA) measured in 28S using the Tajima-Nei model shown in the lower left corner, p-distance values were the same. Distance divergence values between specimens of *Ramisyllis* in blue

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1 RM1											
2 RM7	0										
3 RM5	0	0									
4 RM2	0,00	0,00	0,00								
5 SA1	0,01	0,01	0,01	0,01							
6 SA28	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00						
7 SA46	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00					
8 SA9	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00				
9 SA87	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00			
10 SA88	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
11 SA53	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	

Online Resource 9 Genetic divergences between *Ramisyllis multicaudata* (RM) and *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp. (SA) measured in 18S using the Tajima-Nei model shown in the lower left corner, p-distance values were the same. Distance divergence values between specimens of *Ramisyllis* in blue

	1	2	3	4	5	6	7
	RM7	SA53	SA1	SA87	SA88	SA28	SA9
1 RM7		0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
2 SA53	0,11		0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
3 SA1	0,11	0,01		0,00	0,00	0,00	0,00
4 SA87	0,11	0,01	0,00		0,00	0,00	0,00
5 SA88	0,11	0,01	0,00	0,00		0,00	0,00
6 SA28	0,11	0,01	0,00	0,00	0,00		0,00
7 SA9	0,11	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	

Online Resource 10 Genetic divergences between *Ramisyllis multicaudata* (RM) and *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp. (SA) measured in ITS2 using the Tajima-Nei model shown in the lower left corner, and p-distance in the upper right corner. Distance divergence values between specimens of *Ramisyllis* in blue

Online Resource 11 Morphological and meristic data for several specimens of *Ramisyllis kingghidorahi* n. sp. and several of *Ramisyllis multicaudata* (the latter from Glasby et al. 2012).

Ramisyllis kingghidorahi n. sp.

Ramisyllis multicaudata

Species	<i>Ramisyllis kingghidorahi</i> n. sp.						<i>Ramisyllis multicaudata</i>						
	spec 1	spec 2	spec 3	spec 4	spec 5	spec 6	spec 1	spec 4	spec 5	spec 7	spec 8	spec 9	spec 10
proventricle segments	5	4	5	5	5	4	2-4						
central antenna articles	8	14	12				absent	10	9	4	9	11	13
lateral antennae articles	6-7	9	10	7			indet	~9	10	3	6	7	11
dorsal tentacular cirri articles	11	14	12	11			12	9	7	4	6	12	14
ventral tentacular cirri articles	7	8	8	9			8	absent	absent	absent	absent	9	8
anal cirri articles		7/9					indet	~5	5	3	3	indet	indet
Segments preceding branch point 1	24	6	3			6	indet	17	15	indet	indet	22	20
Segment preceding branch point 2	4/6	3/6				6/4	indet	31	17	indet	indet	30	31
Segment preceding branch point 3		6					indet	indet	indet	indet	indet	indet	indet
dorsal cirri 1, number articles	21	20	24	29			~14	14	10	8	8	16	14
dorsal cirri 2, number articles	12	14	16	14			~14	~10	7	6	7	12	~12
dorsal cirri 3, number articles	11	13	18				~13	indet	7	6	7	12	8
dorsal cirri 4, number articles	23	30	25	32		28	~20	~15	~10	~6	10	19	10
dorsal cirri 5, number articles	15	15	15				~12	~9	7	6	6	11	14
dorsal cirri 6, number articles	23	28	23			24	~20	~16	~9	6	~7	10	10
dorsal cirri 7, number articles	14	13	13				~14	~9	7	6	7	17	15
dorsal cirri 8, number articles	13	14	14				~14	indet	~9	6	6	~10	12
dorsal cirri 9, number articles	23	24	?				~24	~14	7	6	6	~15	10
dorsal cirri 10, number articles	12	12	11				~12	~10	10	6	7	indet	indet
Midbody long dorsal cirri		6/9-11					8/9 _5						
Midbody short dorsal cirri		3/6-7					5_5						

Online Resource 12 Morphological differences between male and female stolons of *R. kingghidorahi* n. sp. and *R. multicaudata* (the latter from Glasby et al. 2012)

	<i>Ramisyllis kingghidorahi</i> Female	<i>Ramisyllis kingghidorahi</i> Male	<i>Ramisyllis multicaudata</i> Female	<i>Ramisyllis multicaudata</i> Male
Chaetiger number	17-18	20-21	17-19	18-22
Prostomium colour	Mature in pink. Immature in white or yellowish	Yellow / unpigmented	Yellow	Unpigmented
Eyes – relative sizes of dorsal vs ventral pairs	Dorsal pair about 1/3 smaller than ventral pair	Dorsal pair about 1/3 size of ventral pair	Dorsal pair slightly smaller than ventral pair	Dorsal pair about ½ size of ventral pair
Vestigial gut, chaetiger 2	Present, bubble-like	Not seen	Present, bubble-like	Absent
First three segments	Same as following ones	Clearer than remaining ones	Same as following ones	Clearer than remaining ones
Parapodia - relative length	About ½ width body	About double width body	About ½ width body	About width body
First pair dorsal cirri (head cirri) – length	About same length of remaining dorsal cirri	Similar in length to 2 nd and 3 rd but 2–3 times longer than later dorsal cirri	About same length of remaining dorsal cirri	2–3 times length remaining dorsal cirri
Dorsal cirri – form	Articulated; extending well beyond parapodia	Smooth or weakly articulated; exceeding parapodia tips, similar in length to ventral ones	Articulated; extending well beyond parapodia tips	Smooth; reaching parapodia tips
Ventral cirri – form	Digitiform. Distally located. Not exceeding parapodial length	Lanceolate. Distally located, about half length of parapodial lobe	Similar length to parapodial lobe	3–4 times longer than parapodial lobe
Pygidial cirri – form	Long (about 4x pygidium length)	Long (about 7x pygidium length)	Short (about 3x pygidium width), beaded	Long (about 7–9x pygidium width), beaded
Gamete distribution (mature)	Chaetigers 1 to 19 (approx.)	Mature sperm in anterior most 3 chaetigers	Chaetigers 1 to 14 (approx.)	Mature sperm in anterior most 3 chaetigers
Stolon stalks	Similar dorsal cirri as in the rest of the body. Clear dorsal cirri alternation in length	Similar dorsal cirri as in the rest of the body. Clear dorsal cirri alternation in length	Dorsal cirri considerably shorter than in the rest of the body	Dorsal cirri considerably shorter than in the rest of the body
natatory chaetae – form	Paddle-like; tip not bifid	Paddle-like; tip not bifid	Paddle-like; tip not bifid	Paddle-like; tip not bifid
Positive phototactism	Clear	Not clear	?	?