

Table S1: Table 1 extended with algorithms assigned absolute identification and respective code abbreviation, which enables its selection in LMAP_S stages.

LMAP_S Stage	Integrated Software	Algorithms Implemented	Algorithms Identification (Code) (respectively)
Stage 2 (AE)	Clustal Omega (v.1.2.1)	<i>Default</i>	CLUSTALO (CO)
	ClustalW (v.2.1)	<i>Default</i>	CLUSTALW (CW)
	Dialign-tx (v.1.0.2)	(3) Dialign-tx <i>Default</i> ; Dialign-tx -D option ; Dialign-tx -T option	DIALIGN-TX (TX) ; DIALIGN-TXD (TXD) ; DIALIGN-TXT (TXT)
	FSA (v.1.15.9)	(2) FSA <i>Default</i> ; FSA with 'nucprot' option	FSA (FA) ; FSANP (FAT)
	GramAlign (v.3.0)	<i>Default</i>	GRAMALIGN (GA)
	Kalign (v.2.0.4)	<i>Default</i>	KALIGN (KA)
	MACSE (v.1.0.2)	(2) MACSE <i>Default</i> , MACSE with pseudogene alignment.	MACSE (MC) ; MACSEP (MCP)
	MAFFT (v.7.271)	(8) MAFFT <i>Default</i> , MAFFT with 'auto' option, MAFFT E-INS-I, MAFFT FFT-NS-1, MAFFT FFT-NS-2, MAFFT FFT-NS-I, MAFFT G-INS-I, MAFFT L-INS-I	MAFFT (MA) ; MAFFTA (MAA) ; MAFFTEI (MEI) ; MAFFTF1 (MF1) ; MAFFTF2 (MF2) ; MAFFTFI (MFI) ; MAFFTGI (MGI) ; MAFFTLI (MLI)
	MUSCLE (v.3.8.31)	<i>Default</i>	MUSCLE (MU)
	Opal (v.2.1.3)	<i>Default</i>	OPAL (OP)
	Prank (v.150803)	(6) Prank <i>Default</i> , Prank +F option, Prank 'once' option, Prank Codon, Prank Codon +F option, Prank Codon 'once' option.	PRANK (PK) ; PRANKF (PKF) ; PRANKO (PKO) ; PRANKCD (PCD) ; PRANKCDF (PCF) ; PRANKCDO (PCO)
	ProbAlign (v.1.4)	<i>Default</i>	PROBALIGN (PA)
	ProbCons (v.1.12)	<i>Default</i>	PROBCONS (PC)
	T-COFFEE (v.11.00.8cbe486)	(4) <i>Default</i> 'PROBA_PAIR' ; 'T_COFFEE_MSA', 'KTUP_MSA', 'PLIB_MSA'	TCOFFEE (TC) ; TCOFFEEKT (TTC) ; TCOFFEEKT (TKT) ; TCOFFEEPL (TPL)
Stage 3 (AOD)	OD-Seq (v.1.0)	<i>Default</i>	N.A. (N.A.)
	EvalMSA (v.1.0)	<i>Default</i>	N.A. (N.A.)
Stage 4	Gblocks (v.0.91b)	(2) <i>Default DNA</i> ; <i>Default CODON</i>	GBLOCKS (GB) ; GBLOCKCS (GBC)

(ARC)	MaxAlign (v.1.1)	<i>Default</i>	MAXALIGN (MX)
	MergeAlign (n.f.)	<i>Default (#)</i>	MERGEALIGN (MG)
	Noisy (v.1.5.12)	<i>Default</i>	NOISY (NY)
	PSAR-Align (v.1.0)	<i>Default</i>	PSARALIGN (PS)
	TCS (T-Coffee)	(3) TCS, TCS_original, TCS_FM	TCS (TCS); TCSFM (TFM); TCSOG (TOG)
	TrimAl (v.1.4)	(6) TrimAl <i>Default</i> , TrimAl 'automated1', TrimAl 'gappyout', TrimAl 'strictplus', TrimAl 'strict', TrimAl 'compareset' (#)	TRIMAL (TL) ; TRIMALA (TA); TRIMALG (TG) ; TRIMALP (TP); TRIMALS (TS) ; TRIMALC (TT)
	WeaveAlign (v.1.2.1)	<i>Default (#)</i>	WEAVEALIGN (WA)
Stage 5 (PE)			NIQTREE (NIT) ; <u>N</u>SBIQTREE (NSIT) ; <u>N</u>UBIQTREE (NUIT); DIQTREE (DIT); <u>D</u>SBIQTREE (DSIT); <u>D</u>UBIQTREE (DUIT); RIQTREE (RIT); <u>R</u>SBIQTREE (RSIT); <u>R</u>UBIQTREE (RUIT); CIQTREE (CIT); <u>C</u>SBIQTREE (CSIT); <u>C</u>UBIQTREE (CUIT); TIQTREE (TIT); <u>T</u>SBIQTREE (TSIT); <u>T</u>UBIQTREE (TUIT)
	IQ-TREE (v.1.6.2)	(15) IQ-TREE DNA, IQ-TREE DNA (DEG), IQ-TREE DNA (RY), IQ-TREE CODON, IQ-TREE NT2AA. Each case is available for <i>Default</i> and <i>Standard</i> / <i>UFBoot</i> <i>Bootstraps</i>	
	MPBoot (v.1.1.0)	(2) MPBoot DNA. Each case is available for <i>Default</i> and " <i>UFBoot</i> " <i>Bootstraps</i>	NMPBOOT (NMP) ; <u>N</u>UBMPBOOT (NUMP)
	Ninja (v.1.2.2)	<i>Default</i>	NINJA (NJ)
	SMS (v.1.8.1)	(4) <u>A</u> IC + <u>N</u> NI, <u>A</u> IC + <u>S</u> PR, <u>B</u> IC + <u>N</u> NI, <u>B</u> IC + <u>S</u> PR	SMS<u>A</u>N (SAN) ; SMS<u>S</u> (SAS) ; SMS<u>B</u>N (SBN) ; SMS<u>S</u> (SBS)
	Degen (v.1.4)	<i>Default</i>	DEG (N.A.)
	RYcode (v.1.0.0)	<i>Default</i>	RYT (DEFAULT (*)) (N.A.)
Stage 6 (PCC)	CONSEL (v.1.2.0)	<i>Default (includes makermt, consel and catpv)</i>	ICONSEL (N.A.)
	TreeCmp (v.1.1)	<i>Default</i>	TREECMP MP (N.A.) ; TREECMP RF (N.A.)

Legend: N.A. – Not applicable. (*) *RYcode.pl* performs coding of the third-position by default, hence the 'T' in 'RYt'.

For more information, see also LMAP_S Manual.