

Supplement 2

**Table S1.** Genetic data of the 12 *Laminaria hyperborea* individuals that were found in our initial dataset.

Ind.	Pop.	Ld148		Ld158		Ld167		Ld371		Ld531		Ld704		Lo454-23		Lo454-24		Lo454-17		Lo454-28		Lo4-24	
		Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2	Allele 1	Allele 2
SB2_03	S6	198	198	240	240	173	176	120	123	236	239	288	290	214	223	286	289	180	180	222	222	218	218
SB2_04	S6	198	198	238	240	173	173	123	126	233	245	288	292	223	226	280	289	165	165	222	222	218	218
SB3_20	S9	189	198	240	242	173	173	120	132	236	242	288	288	214	214	268	280	165	165	234	258	164	164
NB4B_14	S21	195	195	240	242	176	176	120	123	242	242	286	288	199	211	268	268	180	180	234	234	216	216
NB4B_18	S21	183	183	238	240	173	176	120	123	236	242	290	292	211	211	268	283	180	180	258	258	216	216
NB4B_20	S21	186	198	240	240	176	176	123	132	236	242	288	292	211	211	268	280	180	180	234	258	216	216
TRIA_09	S22	207	240	222	222	146	152	141	147	200	200	340	342	196	214	268	283	165	168	222	246	216	216
TRIA_13	S22	240	249	222	222	152	158	147	153	200	200	0	0	214	214	268	289	165	165	234	246	164	216
TRIA_14	S22	237	237	222	228	146	155	141	150	200	200	342	402	214	223	286	286	168	180	246	258	216	216
RD_03	S25	207	240	222	222	155	155	117	150	200	200	348	350	214	214	268	289	165	165	222	258	216	216
BIG_7	S28	198	198	238	240	170	170	120	144	304	316	233	242	316	316	304	316	180	180	206	206	224	224
NO1_15	S30	186	195	240	240	173	176	126	144	236	239	288	292	214	223	268	268	165	198	222	222	218	218

**Table S2.** Linkage disequilibrium calculated across populations using Genepop 4.7.5 (Rousset 2008). The  $p$ -value was obtained using the log likelihood ratio statistic. The Markov chain parameters were: dememorization number 1,000, number of batches 100 and number of iterations per batch 1,000. The column df corresponds to the degrees of freedom. The same test has been performed at the individual-level, but given the size of the results, the results are not shown.

Pair of locus	Chi2	df	$p$ -value	Pair of locus	Chi2	df	$p$ -value
Ld148 - Ld158	61.269	64	0.574	Ld148 - Lo454-17	47.841	58	0.827
Ld148 - Ld167	42.493	64	0.982	Ld158 - Lo454-17	74.339	58	0.073
Ld158 - Ld167	52.436	64	0.849	Ld167 - Lo454-17	58.110	58	0.471
Ld148 - Ld371	54.364	64	0.799	Ld371 - Lo454-17	37.052	58	0.985
Ld158 - Ld371	78.148	64	0.109	Ld531 - Lo454-17	45.416	58	0.885
Ld167 - Ld371	50.099	64	0.898	Ld704 - Lo454-17	42.039	58	0.943
Ld148 - Ld531	57.593	64	0.701	Lo454-23 - Lo454-17	43.715	58	0.918
Ld158 - Ld531	61.405	64	0.569	Lo454-24 - Lo454-17	45.471	58	0.884
Ld167 - Ld531	70.589	64	0.267	Ld148 - Lo454-28	62.807	62	0.447
Ld371 - Ld531	39.415	64	0.993	Ld158 - Lo454-28	53.613	62	0.767
Ld148 - Ld704	54.059	64	0.808	Ld167 - Lo454-28	80.046	62	0.061
Ld158 - Ld704	61.529	64	0.564	Ld371 - Lo454-28	77.249	62	0.092
Ld167 - Ld704	58.719	64	0.663	Ld531 - Lo454-28	63.153	62	0.435
Ld371 - Ld704	77.932	64	0.113	Ld704 - Lo454-28	48.082	62	0.903
Ld531 - Ld704	52.639	64	0.844	Lo454-23 - Lo454-28	54.884	62	0.727
Ld148 - Lo454-23	47.407	64	0.940	Lo454-24 - Lo454-28	33.594	62	0.999
Ld158 - Lo454-23	49.415	64	0.914	Lo454-17 - Lo454-28	72.616	58	0.094
Ld167 - Lo454-23	38.753	64	0.995	Ld148 - Lo4-24	26.784	50	0.997
Ld371 - Lo454-23	63.802	64	0.483	Ld158 - Lo4-24	29.536	50	0.991
Ld531 - Lo454-23	58.602	64	0.667	Ld167 - Lo4-24	53.756	50	0.333
Ld704 - Lo454-23	67.105	64	0.371	Ld371 - Lo4-24	40.193	50	0.838
Ld148 - Lo454-24	46.519	64	0.951	Ld531 - Lo4-24	33.544	50	0.964
Ld158 - Lo454-24	65.551	64	0.423	Ld704 - Lo4-24	45.591	50	0.651
Ld167 - Lo454-24	69.728	64	0.291	Lo454-23 - Lo4-24	43.829	50	0.718
Ld371 - Lo454-24	50.786	64	0.885	Lo454-24 - Lo4-24	47.048	50	0.593
Ld531 - Lo454-24	62.019	64	0.547	Lo454-17 - Lo4-24	39.937	48	0.789
Ld704 - Lo454-24	50.406	64	0.892	Lo454-28 - Lo4-24	45.021	50	0.673
Lo454-23 & Lo454-24	68.471	64	0.328				

**Table S3.** Frequency of null alleles per marker and per population of *Laminaria digitata* obtained using MICROCHECKER (Van Oosterhout et al. 2004). The frequency of null alleles was tested using a 95% interval and 1,000 permutations.

	Allele	Obs. allele freq.	Oosterhout	Chakraborty	Brookfield 1	Brookfield 2
S1	236	0.283	0.225	0.211	0.242	0.242
	240	0.583	0.452	0.435	0.498	0.498
	242	0.133	0.124	0.099	0.114	0.114
S2	236	0.167	0.124	0.128	0.146	0.146
	240	0.683	0.592	0.524	0.599	0.599
	242	0.15	0.124	0.115	0.131	0.131
S7	236	0.05	0.034	0.024	0.039	0.039
	238	0.033	0.017	0.016	0.027	0.027
	240	0.733	0.553	0.35	0.583	0.583
	242	0.183	0.124	0.088	0.146	0.146
S10	236	0.083	0.087	0.069	0.076	0.076
	238	0.104	0.087	0.086	0.095	0.095
	240	0.75	0.646	0.618	0.684	0.684
	242	0.063	0.043	0.052	0.057	0.057
S19	236	0.017	0.017	0.013	0.015	0.015
	238	0.3	0.247	0.235	0.266	0.266
	240	0.667	0.553	0.523	0.592	0.592
	242	0.017	0.017	0.013	0.015	0.015

**Table S4.** Genotypes of the individuals at locus Ld158 that have been corrected for the presence of null alleles.

Population	Individual	Ld158 Allele1	Ld158 Allele2	Population	Individual	Ld158 Allele1	Ld158 Allele2
S1	12	236	246	S10	18	240	246
S1	16	236	246	S10	22	240	246
S1	18	236	246	S10	23	240	246
S1	21	240	246	S10	27	240	246
S1	32	240	246	S10	29	240	246
S1	34	240	246	S19	25	238	246
S1	4	240	246	S19	26	238	246
S1	6	240	246	S19	3	240	246
S1	7	240	246	S19	34	240	246
S1	8	240	246	S19	39	240	246
S1	9	242	246	S19	40	240	246
S2	34	240	246	S19	44	240	246
S2	36	240	246	S19	48	240	246
S2	37	240	246	S19	51	240	246
S2	39	236	246	S19	7	238	246
S2	44	240	246	S10	18	240	246
S2	45	236	246	S10	22	240	246
S2	46	240	246	S10	23	240	246
S2	5	242	246	S10	27	240	246
S2	6	240	246	S10	29	240	246
S2	9	240	246	S19	25	238	246
S7	1	240	246	S19	26	238	246
S7	3	240	246	S19	3	240	246
S7	5	240	246	S19	34	240	246
S7	15	242	246	S19	39	240	246
S7	19	242	246	S19	40	240	246
S7	24	242	246	S19	44	240	246
S7	29	240	246	S19	48	240	246
S7	30	240	246	S19	51	240	246
S7	33	240	246	S19	7	238	246
S7	36	240	246				
S7	41	240	246				
S7	43	240	246				
S7	44	240	246				
S7	49	240	246				
S7	50	240	246				

**Table S5.** Pairwise  $F_{ST}$  values calculated according to Weir & Cockerham (1984) using hierfstat (below the diagonal) and the confidence interval were estimated from 95% confidence level and 1,000 sampling using the same software. Above the diagonal: \*\*\* when the lowest bound of the confidence interval was > 0.05; \*\* when bounded by 0.05 and 0.01; \* by 0.01 and 0 and finally NS when below 0.

	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16	S17	S18	S19	S20	S21	S22	S23	S24	S25	S26	S27	S28	S29	S30	S31	S32		
S1		*	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	**	***	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
S2	0.024		**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
S3	0.088	0.081		**	***	***	***	**	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
S4	0.127	0.105	0.129		***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
S5	0.139	0.134	0.144	0.197		NS	*	NS	*	*	**	**	**	*	**	*	**	**	***	**	***	***	**	**	**	***	***	***	***	***	**	**	***	
S6	0.148	0.127	0.14	0.181	0.012		*	NS	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	***	**	***	***	**	**	**	***	***	***	***	**	**	***		
S7	0.141	0.136	0.133	0.182	0.017	0.023		NS	NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	**	**	***		
S8	0.11	0.114	0.123	0.185	0.012	0.022	0.016		NS	NS	**	*	*	NS	*	*	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S9	0.133	0.135	0.11	0.194	0.015	0.041	0.024	0.004		*	**	**	*	NS	**	**	**	**	***	**	***	**	**	**	**	**	***	***	***	***	**	**	***	
S10	0.11	0.096	0.115	0.153	0.017	0.024	0.026	0.007	0.017		**	NS	NS	NS	*	NS	*	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S11	0.12	0.124	0.145	0.195	0.083	0.079	0.08	0.054	0.074	0.039		*	**	**	**	**	**	**	***	***	***	***	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S12	0.115	0.109	0.149	0.189	0.042	0.042	0.05	0.02	0.036	0.005	0.022		NS	NS	*	*	NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S13	0.113	0.111	0.138	0.195	0.047	0.052	0.05	0.019	0.03	0.004	0.042	0.001		*	*	NS	*	*	**	**	**	**	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S14	0.12	0.122	0.12	0.199	0.017	0.032	0.035	0.005	0.006	0.001	0.03	0.006	0.013		*	NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	*	**	**	**	
S15	0.093	0.092	0.129	0.174	0.046	0.054	0.062	0.022	0.042	0.01	0.047	0.011	0.01	0.018		NS	NS	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S16	0.114	0.111	0.136	0.209	0.038	0.053	0.058	0.019	0.035	0.012	0.059	0.019	0.008	0.018	0.006		NS	NS	*	**	**	**	*	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S17	0.126	0.111	0.155	0.202	0.066	0.058	0.083	0.04	0.065	0.021	0.056	0.015	0.011	0.03	0.007	0.007		*	**	**	**	**	*	NS	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S18	0.159	0.138	0.167	0.228	0.059	0.062	0.06	0.03	0.049	0.018	0.072	0.027	0.019	0.028	0.029	0.012	0.018		*	**	***	NS	NS	*	**	***	**	**	**	**	**	**	**	
S19	0.172	0.144	0.209	0.235	0.101	0.096	0.111	0.072	0.104	0.047	0.095	0.039	0.033	0.071	0.036	0.037	0.024	0.019		**	***	**	*	**	*	**	***	***	***	***	**	**	**	
S20	0.222	0.195	0.233	0.291	0.071	0.069	0.099	0.066	0.082	0.046	0.132	0.059	0.046	0.065	0.056	0.041	0.04	0.029	0.052		***	**	*	*	**	*	***	**	**	**	**	**	**	
S21	0.242	0.221	0.214	0.317	0.165	0.153	0.188	0.151	0.149	0.131	0.16	0.137	0.131	0.127	0.137	0.119	0.111	0.124	0.164	0.135		***	**	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
S22	0.176	0.172	0.21	0.27	0.083	0.095	0.103	0.056	0.068	0.036	0.1	0.039	0.026	0.046	0.043	0.033	0.028	0.017	0.044	0.037	0.124		NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
S23	0.192	0.175	0.212	0.278	0.085	0.083	0.097	0.058	0.079	0.043	0.107	0.042	0.029	0.057	0.047	0.028	0.023	0.005	0.02	0.016	0.121	0.006		NS	**	**	***	**	**	**	**	**	**	
S24	0.178	0.167	0.205	0.265	0.083	0.082	0.097	0.055	0.076	0.038	0.08	0.031	0.026	0.046	0.038	0.028	0.017	0.011	0.022	0.019	0.106	0.013	-0.005		**	**	***	**	**	**	**	**	**	
S25	0.187	0.167	0.211	0.268	0.068	0.069	0.085	0.042	0.081	0.048	0.086	0.035	0.044	0.047	0.041	0.045	0.046	0.035	0.045	0.056	0.185	0.06	0.05	0.055		***	***	***	**	**	**	**	**	
S26	0.298	0.292	0.312	0.391	0.142	0.153	0.161	0.125	0.136	0.123	0.187	0.131	0.104	0.123	0.123	0.083	0.101	0.059	0.12	0.068	0.189	0.068	0.057	0.085	0.121		**	**	**	**	**	**	**	
S27	0.239	0.272	0.284	0.387	0.164	0.181	0.168	0.125	0.133	0.132	0.157	0.113	0.093	0.117	0.117	0.083	0.106	0.096	0.155	0.135	0.211	0.084	0.102	0.104	0.154	0.086		*	**	***	***	***	***	
S28	0.264	0.285	0.31	0.395	0.17	0.185	0.174	0.136	0.161	0.137	0.182	0.13	0.109	0.138	0.123	0.082	0.105	0.08	0.136	0.121	0.225	0.088	0.087	0.098	0.149	0.057	0.019		*	***	***	***	***	
S29	0.228	0.224	0.242	0.337	0.122	0.125	0.114	0.087	0.119	0.105	0.134	0.108	0.096	0.102	0.1	0.064	0.088	0.046	0.113	0.091	0.184	0.089	0.068	0.077	0.096	0.048	0.074	0.055		***	***	***	***	
S30	0.203	0.177	0.21	0.261	0.066	0.066	0.083	0.056	0.071	0.037	0.083	0.045	0.052	0.036	0.075	0.054	0.062	0.04	0.066	0.087	0.189	0.076	0.072	0.072	0.06	0.147	0.184	0.182	0.137		NS	***	***	
S31	0.182	0.168	0.171	0.248	0.07	0.08	0.069	0.056	0.062	0.036	0.068	0.05	0.059	0.029	0.076	0.053	0.076	0.043	0.086	0.107	0.188	0.092	0.089	0.077	0.09	0.164	0.158	0.168	0.119	0.025		***	***	
S32	0.284	0.278	0.228	0.356	0.245	0.239	0.246	0.206	0.183	0.179	0.203	0.205	0.189	0.168	0.186	0.159	0.178	0.18	0.24	0.248	0.207	0.225	0.221	0.214	0.273	0.284	0.267	0.278	0.248	0.223	0.189		***	***

**Table S6.** Pairwise  $F_{ST}$  values calculated from the dataset corrected from the presence of null alleles. Pairwise  $F_{ST}$  values and their significance were obtained and tested similarly to Table S5.

	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16	S17	S18	S19	S20	S21	S22	S23	S24	S25	S26	S27	S28	S29	S30	S31	S32	
S1		*	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
S2	0.024		**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
S3	0.093	0.084		**	***	***	***	**	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
S4	0.131	0.109	0.129		***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
S5	0.142	0.137	0.144	0.197		NS	*	NS	*	*	**	**	**	*	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S6	0.147	0.126	0.14	0.181	0.012		*	NS	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S7	0.133	0.13	0.135	0.184	0.026	0.025		NS	NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S8	0.111	0.113	0.123	0.185	0.012	0.022	0.017		NS	NS	**	*	*	NS	*	NS	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S9	0.135	0.136	0.112	0.193	0.014	0.038	0.025	0.004		*	**	**	*	NS	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S10	0.107	0.094	0.116	0.153	0.02	0.023	0.025	0.007	0.017		**	NS	NS	NS	*	NS	*	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S11	0.118	0.121	0.145	0.195	0.083	0.079	0.073	0.054	0.074	0.035		*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S12	0.114	0.107	0.149	0.189	0.042	0.042	0.047	0.019	0.035	0.002	0.022		NS	NS	*	*	NS	*	**	**	**	**	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S13	0.115	0.111	0.138	0.195	0.047	0.052	0.051	0.019	0.029	0.003	0.042	0.0006		*	*	NS	*	*	**	**	**	**	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S14	0.122	0.123	0.119	0.199	0.017	0.032	0.036	0.005	0.007	0.0001	0.03	0.006	0.014		NS	NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S15	0.095	0.092	0.129	0.174	0.046	0.054	0.062	0.022	0.043	0.009	0.047	0.011	0.01	0.018		NS	NS	**	**	**	**	**	**	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**
S16	0.118	0.114	0.136	0.209	0.038	0.053	0.063	0.019	0.036	0.014	0.059	0.019	0.008	0.018	0.006		NS	*	**	**	**	**	*	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S17	0.128	0.112	0.155	0.202	0.066	0.058	0.086	0.039	0.065	0.022	0.056	0.015	0.011	0.029	0.007	0.007		*	**	**	**	**	*	NS	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S18	0.162	0.14	0.167	0.228	0.059	0.062	0.067	0.03	0.048	0.02	0.072	0.027	0.019	0.028	0.029	0.012	0.018		*	**	**	**	NS	NS	NS	*	**	**	**	**	*	**	**
S19	0.166	0.138	0.209	0.235	0.104	0.094	0.106	0.071	0.101	0.045	0.092	0.036	0.032	0.071	0.038	0.041	0.026	0.023		**	**	**	**	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S20	0.225	0.197	0.233	0.291	0.071	0.069	0.107	0.066	0.079	0.049	0.132	0.059	0.046	0.065	0.056	0.041	0.039	0.029	0.057		**	**	**	*	*	**	*	**	**	**	**	**	**
S21	0.245	0.223	0.214	0.317	0.165	0.153	0.192	0.151	0.149	0.132	0.159	0.137	0.131	0.127	0.137	0.119	0.111	0.124	0.166	0.135		**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S22	0.179	0.175	0.209	0.27	0.083	0.095	0.11	0.056	0.067	0.038	0.1	0.039	0.026	0.046	0.043	0.033	0.028	0.017	0.048	0.037	0.124		NS	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S23	0.195	0.176	0.212	0.278	0.085	0.083	0.103	0.058	0.077	0.045	0.107	0.042	0.029	0.057	0.047	0.028	0.023	0.005	0.025	0.016	0.121	0.006		NS	**	**	**	**	**	**	**	**	**
S24	0.179	0.168	0.205	0.265	0.083	0.082	0.101	0.055	0.075	0.039	0.08	0.031	0.026	0.046	0.038	0.028	0.017	0.011	0.026	0.019	0.106	0.013	-0.005		**	**	**	**	**	**	**	**	
S25	0.186	0.166	0.211	0.268	0.068	0.069	0.086	0.042	0.079	0.046	0.086	0.035	0.044	0.047	0.041	0.045	0.046	0.035	0.047	0.056	0.185	0.059	0.049	0.055		**	**	**	**	**	**	**	
S26	0.299	0.293	0.312	0.391	0.142	0.153	0.168	0.125	0.134	0.125	0.187	0.131	0.104	0.123	0.123	0.083	0.101	0.059	0.124	0.068	0.189	0.068	0.057	0.085	0.121		**	**	**	**	**	**	
S27	0.239	0.27	0.284	0.387	0.164	0.181	0.168	0.125	0.133	0.129	0.157	0.113	0.093	0.117	0.117	0.082	0.106	0.096	0.152	0.135	0.211	0.084	0.102	0.104	0.154	0.086		*	**	**	**	**	
S28	0.266	0.285	0.309	0.395	0.17	0.185	0.179	0.136	0.159	0.137	0.182	0.129	0.109	0.138	0.123	0.082	0.105	0.079	0.137	0.121	0.225	0.088	0.087	0.098	0.149	0.057	0.019		**	**	**	**	
S29	0.229	0.224	0.242	0.337	0.122	0.125	0.119	0.087	0.118	0.106	0.134	0.108	0.096	0.102	0.1	0.064	0.088	0.046	0.115	0.091	0.184	0.089	0.068	0.077	0.096	0.048	0.074	0.055		**	**	**	
S30	0.205	0.178	0.21	0.261	0.066	0.066	0.089	0.056	0.069	0.038	0.083	0.045	0.052	0.036	0.075	0.054	0.062	0.039	0.069	0.087	0.189	0.076	0.072	0.072	0.06	0.147	0.184	0.182	0.137		**	**	
S31	0.184	0.169	0.171	0.248	0.069	0.079	0.073	0.056	0.061	0.037	0.068	0.049	0.059	0.029	0.076	0.053	0.076	0.043	0.088	0.107	0.188	0.092	0.089	0.077	0.089	0.164	0.158	0.168	0.119	0.025		**	
S32	0.285	0.279	0.228	0.356	0.245	0.239	0.247	0.206	0.186	0.18	0.203	0.205	0.189	0.168	0.186	0.159	0.178	0.18	0.242	0.248	0.207	0.225	0.221	0.214	0.273	0.284	0.267	0.278	0.248	0.223	0.189		

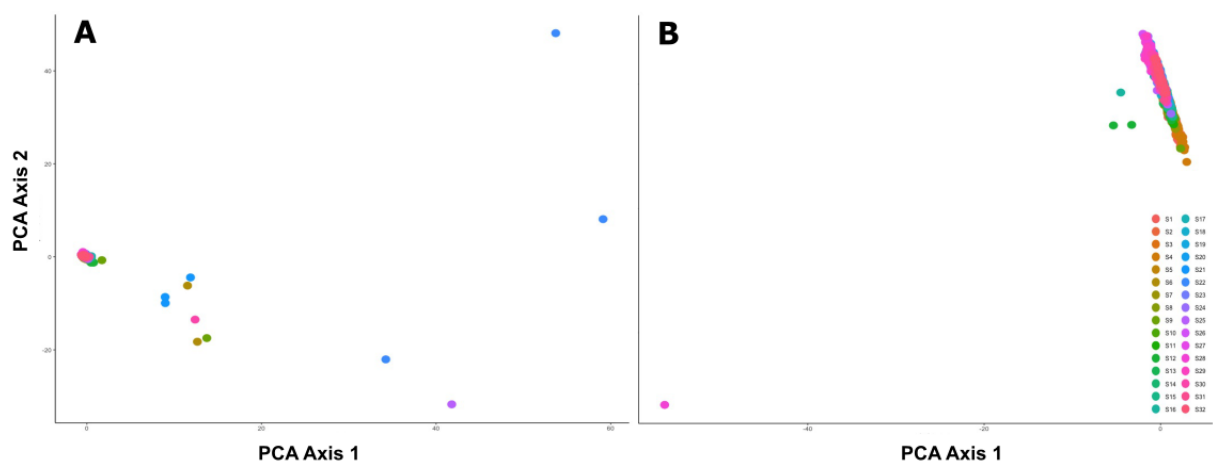
**Table S7.** Habitat discontinuity estimated by the proportion of the geographic distance unoccupied by rocky substrata (values are the same below and above the diagonal). The color gradient illustrates whether the proportion gets near to 1 (dark blue, complete habitat discontinuity) or 0 (white, no habitat discontinuity), which means that the distance separating the pair of populations is completely occupied by rocky substrate above 5m depth).

	0.452	0.846	0.707	0.135	0.12	0.984	0.0805	0.0689	0.165	0.0872	0.244	0.248	0.23	0.217	0.213	0.209	0.206	0.199	0.204	0.193	0.211	0.219	0.178	0.199	0.164	0.163	0.154	0.152	0.327	0.31	0.365	S1
0.452		0.828	0.861	0.12	0.106	0.993	0.0706	0.0602	0.16	0.0814	0.242	0.245	0.227	0.214	0.21	0.206	0.204	0.196	0.202	0.191	0.209	0.217	0.176	0.197	0.162	0.162	0.152	0.15	0.326	0.309	0.365	S2
0.846	0.828		0.884	0.865	0.918	0.895	0.0794	0.0678	0.166	0.0866	0.245	0.249	0.23	0.217	0.213	0.209	0.201	0.193	0.199	0.188	0.206	0.214	0.174	0.194	0.16	0.16	0.15	0.148	0.325	0.308	0.364	S3
0.707	0.861	0.884		0.0575	0.05	0.939	0.034	0.0288	0.135	0.0605	0.229	0.233	0.215	0.203	0.199	0.195	0.193	0.186	0.192	0.181	0.199	0.207	0.168	0.189	0.155	0.155	0.146	0.144	0.323	0.306	0.363	S4
0.135	0.12	0.865	0.0575		0	0.99	0.00574	0.00411	0.189	0.0619	0.283	0.287	0.26	0.241	0.235	0.229	0.225	0.215	0.222	0.208	0.229	0.238	0.186	0.21	0.168	0.167	0.156	0.154	0.344	0.324	0.38	S5
0.12	0.106	0.918	0.05	0		0.842	0.0070	0.00472	0.211	0.0665	0.297	0.3	0.272	0.251	0.245	0.238	0.234	0.222	0.229	0.214	0.236	0.246	0.191	0.215	0.171	0.171	0.159	0.157	0.348	0.328	0.384	S6
0.984	0.993	0.895	0.939	0.99	0.842		0.767	0.181	0.488	0.145	0.396	0.397	0.355	0.321	0.312	0.303	0.293	0.276	0.284	0.265	0.288	0.298	0.226	0.252	0.196	0.195	0.181	0.177	0.371	0.349	0.401	S7
0.0805	0.0706	0.0794	0.034	0.00574	0.00701	0.767		0	0.441	0.0971	0.38	0.382	0.339	0.306	0.297	0.288	0.279	0.262	0.27	0.251	0.275	0.286	0.216	0.242	0.188	0.186	0.173	0.17	0.368	0.345	0.399	S8
0.0689	0.0602	0.0678	0.0288	0.0041	0.00472	0.181	0		0.972	0.129	0.442	0.441	0.387	0.344	0.333	0.321	0.308	0.288	0.297	0.275	0.3	0.312	0.23	0.258	0.197	0.195	0.181	0.177	0.26	0.241	0.332	S9
0.165	0.16	0.166	0.135	0.189	0.211	0.488	0.441	0.972		0.887	0.992	0.926	0.964	0.808	0.772	0.734	0.673	0.614	0.62	0.575	0.593	0.601	0.425	0.448	0.328	0.321	0.294	0.288	0.463	0.431	0.467	S10
0.0872	0.0814	0.0866	0.0605	0.0619	0.0665	0.145	0.0971	0.129	0.887		0.74	0.645	0.576	0.473	0.449	0.424	0.393	0.356	0.367	0.333	0.365	0.379	0.257	0.29	0.209	0.207	0.189	0.185	0.402	0.375	0.426	S11
0.244	0.242	0.245	0.229	0.283	0.297	0.396	0.38	0.442	0.992	0.74		0.419	0.0213	0.0213	0.0186	0.0163	0.0498	0.0432	0.0722	0.0421	0.119	0.151	0.0736	0.132	0.0854	0.0885	0.0792	0.0771	0.365	0.337	0.402	S12
0.248	0.245	0.249	0.233	0.287	0.3	0.397	0.382	0.441	0.926	0.645	0.419		0.866	0.257	0.213	0.179	0.173	0.14	0.17	0.125	0.204	0.237	0.117	0.176	0.112	0.114	0.101	0.0986	0.383	0.353	0.415	S13
0.23	0.227	0.23	0.215	0.26	0.272	0.355	0.339	0.387	0.964	0.576	0.0213	0.866		0.0213	0.0166	0.0132	0.0616	0.0502	0.0878	0.0476	0.143	0.181	0.0803	0.145	0.0902	0.0932	0.0829	0.0805	0.376	0.347	0.411	S14
0.217	0.214	0.217	0.203	0.241	0.251	0.321	0.306	0.344	0.808	0.473	0.0213	0.257	0.0213		0	0	0.0902	0.0637	0.117	0.0573	0.181	0.229	0.0888	0.161	0.0957	0.0987	0.087	0.0843	0.389	0.358	0.42	S15
0.213	0.21	0.213	0.199	0.235	0.245	0.312	0.297	0.333	0.772	0.449	0.0186	0.213	0.0166	0		0	0.113	0.0736	0.134	0.064	0.199	0.25	0.0926	0.167	0.098	0.101	0.0887	0.0859	0.393	0.361	0.423	S16
0.209	0.206	0.209	0.195	0.229	0.238	0.303	0.288	0.321	0.734	0.424	0.0163	0.179	0.0132	0	0		0.16	0.0893	0.16	0.0738	0.224	0.28	0.0974	0.175	0.101	0.103	0.0907	0.0878	0.398	0.365	0.426	S17
0.206	0.204	0.201	0.193	0.225	0.234	0.293	0.279	0.308	0.673	0.393	0.0498	0.173	0.0616	0.0902	0.113	0.16		0.0128	0.925	0.0222	0.967	0.973	0.0884	0.177	0.0964	0.0997	0.0866	0.0838	0.405	0.37	0.431	S18
0.199	0.196	0.193	0.186	0.215	0.222	0.276	0.262	0.288	0.614	0.356	0.0432	0.14	0.0502	0.0637	0.0736	0.0893	0.0128		0.986	0.0339	0.998	0.997	0.1	0.199	0.348	0.328	0.265	0.252	0.539	0.485	0.514	S19
0.204	0.202	0.199	0.192	0.222	0.229	0.284	0.27	0.297	0.62	0.367	0.0722	0.17	0.0878	0.117	0.134	0.16	0.925	0.986		0.905	1	1	0.124	0.217	0.113	0.116	0.0999	0.0964	0.418	0.382	0.44	S20
0.193	0.191	0.188	0.181	0.208	0.214	0.265	0.251	0.275	0.575	0.333	0.0421	0.125	0.0476	0.0573	0.064	0.0738	0.0222	0.0339	0.905		0.963	0.989	0.109	0.218	0.106	0.109	0.0936	0.0901	0.424	0.387	0.444	S21
0.211	0.209	0.206	0.199	0.229	0.236	0.288	0.275	0.3	0.593	0.365	0.119	0.204	0.143	0.181	0.199	0.224	0.967	0.998	1	0.963		0.989	0.189	0.971	0.143	0.143	0.123	0.119	0.433	0.395	0.449	S22
0.219	0.217	0.214	0.207	0.238	0.246	0.298	0.286	0.312	0.601	0.379	0.151	0.237	0.181	0.229	0.25	0.28	0.973	0.997	1	0.971	0.989		0.704	0.885	0.166	0.164	0.13	0.124	0.492	0.442	0.486	S23
0.178	0.176	0.174	0.168	0.186	0.191	0.226	0.216	0.23	0.425	0.257	0.0736	0.117	0.0803	0.0888	0.0926	0.0974	0.0884	0.1	0.124	0.109	0.189	0.704		0.872	0.104	0.11	0.0854	0.0808	0.486	0.435	0.482	S24
0.199	0.197	0.194	0.189	0.21	0.215	0.252	0.242	0.258	0.448	0.29	0.132	0.176	0.145	0.161	0.167	0.175	0.177	0.199	0.217	0.218	0.971	0.885	0.872		0.997	0.998	0.997	0.986	0.978	0.426	0.533	S25
0.164	0.162	0.16	0.155	0.168	0.171	0.196	0.188	0.197	0.328	0.209	0.0854	0.112	0.0902	0.0957	0.098	0.101	0.0964	0.348	0.113	0.106	0.143	0.166	0.104	0.997		0.148	0.0438	0.037	0.62	0.534	0.549	S26
0.163	0.162	0.16	0.155	0.167	0.171	0.195	0.186	0.195	0.321	0.207	0.0885	0.114	0.0932	0.0987	0.101	0.103	0.0997	0.328	0.116	0.109	0.143	0.164	0.11	0.998	0.148		0	0	0.644	0.551	0.559	S27
0.154	0.152	0.15	0.146	0.156	0.159	0.181	0.173	0.181	0.294	0.189	0.0792	0.101	0.0829	0.087	0.0887	0.0907	0.0866	0.265	0.0999	0.0936	0.123	0.13	0.0854	0.997	0.0438	0		0	0.73	0.612	0.594	S28
0.152	0.15	0.148	0.144	0.154	0.157	0.177	0.17	0.177	0.288	0.185	0.0771	0.0986	0.0805	0.0843	0.0859	0.0878	0.0838	0.252	0.0964	0.0901	0.119	0.124	0.0808	0.986	0.037	0			0.757	0.631	0.604	S29
0.327	0.326	0.325	0.323	0.344	0.348	0.371	0.368	0.26	0.463	0.402	0.365	0.383	0.376	0.389	0.393	0.398	0.405	0.539	0.418	0.424	0.433	0.492	0.486	0.978	0.62	0.644	0.73	0.757		0.0226	0.476	S30
0.31	0.309	0.308	0.306	0.324	0.328	0.349	0.345	0.241	0.431	0.375	0.337	0.353	0.347	0.358	0.361	0.365	0.37	0.485	0.382	0.387	0.395	0.442	0.435	0.426	0.534	0.551	0.612	0.631	0.0226		0.571	S31
0.365	0.365	0.364	0.363	0.38	0.384	0.401	0.399	0.332	0.467	0.426	0.402	0.415	0.411	0.42	0.423	0.426	0.431	0.514	0.44	0.444	0.449	0.486	0.482	0.533	0.549	0.559	0.594	0.604	0.476	0.571		S32
S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16	S17	S18	S19	S20	S21	S22	S23	S24	S25	S26	S27	S28	S29	S30	S31	S32	

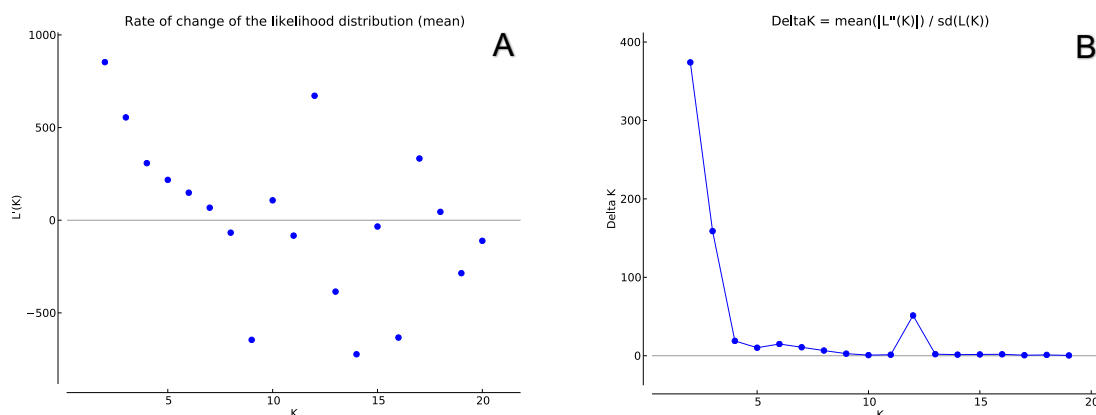


**Table S9.** Spearman rank correlation coefficient between dbMEMs and variables (mean, min, max, range) associated to sea surface temperature obtained for each of the three datasets. For each dbMEM and SST variables, the value on the left is associated to the one obtained for the continuous dataset, then regional dataset, then overall dataset. As only five dbMEMs was obtained for the continuous dataset, the cell for dbMEM 6 is crossed out.

	Mean			Min			Max			Range		
1	<b>0.606</b>	<b>-0.609</b>	<b>-0.588</b>	<b>-0.621</b>	<b>0.549</b>	-0.051	<b>0.867</b>	<b>-0.883</b>	<b>-0.447</b>	<b>0.819</b>	<b>-0.751</b>	-0.163
2	0.145	<b>-0.412</b>	-0.013	0.377	<b>-0.547</b>	<b>0.85</b>	-0.103	0.027	<b>-0.626</b>	-0.269	0.349	<b>-0.843</b>
3	0.346	0.029	<b>-0.486</b>	0.180	0.219	0.341	-0.009	-0.187	<b>-0.48</b>	-0.121	-0.207	<b>-0.386</b>
4	0.068	0.020	0.025	-0.326	-0.029	-0.002	0.072	0.043	-0.023	0.165	0.083	-0.067
5	-0.202	0.153	-0.047	0.152	0.079	0.09	-0.045	0.048	-0.172	0.008	-0.07	-0.134
6		-0.105	-0.115		-0.295	0.124		0.237	-0.158		0.261	-0.158

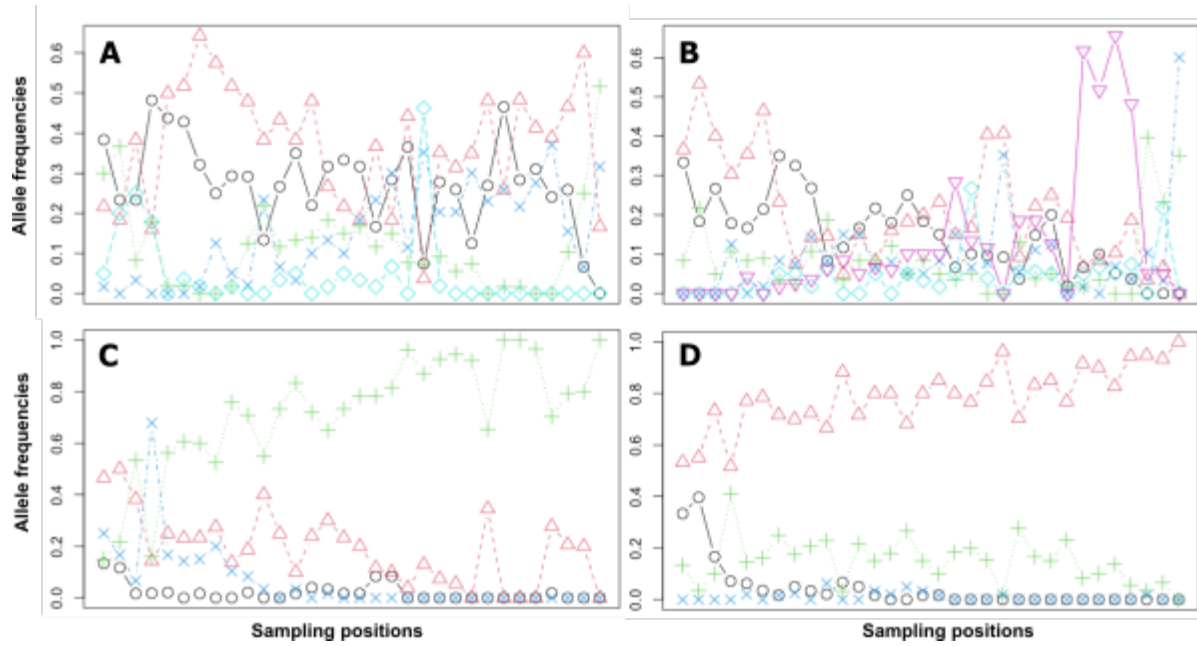


**Figure S1.** **A.** The PCA ran on the whole dataset enabled to identify 11 outliers: S6 (2 ind.), S9 (1 ind.), S21 (3 ind.), S22 (3 ind.), S25 (1 ind.) and S30 (1 ind.). **B.** The PCA ran on the dataset after taking the 11 outliers identified previously enabled to identify another outlier coming from S28.

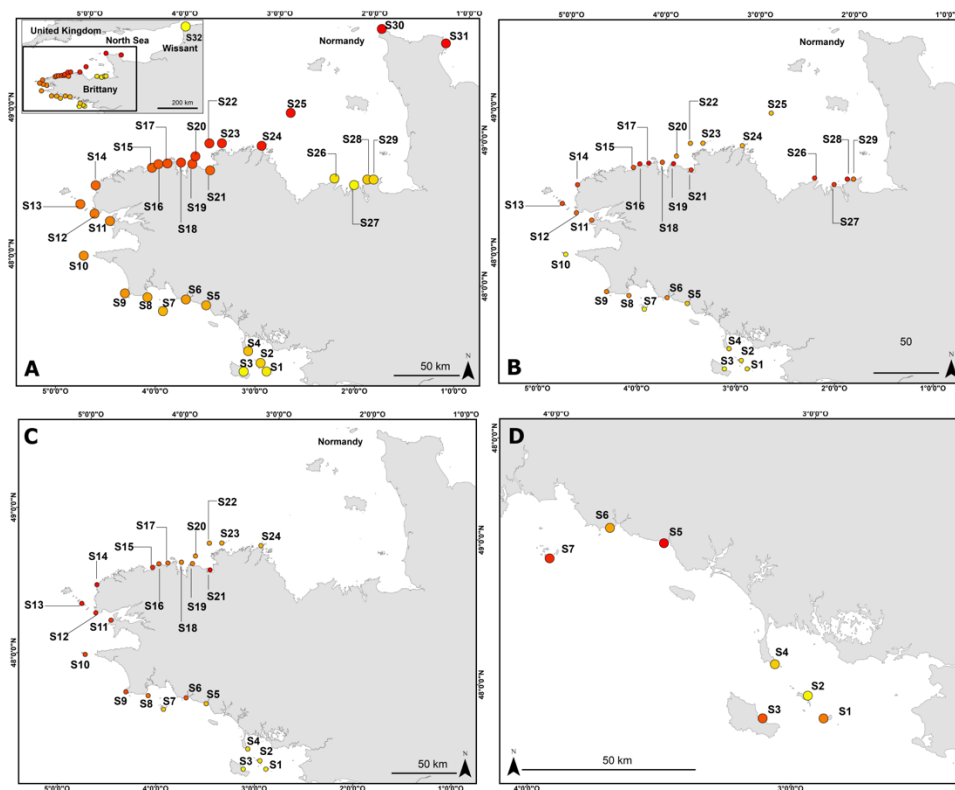


**Figure S2.** **A.** Rate of likelihood distribution (Pritchard & Wen 2003) and **B.** Delta K method (Evanno et al. 2005) associated to the STRUCTURE analyses.





**Figure S3.** Allele frequency across populations, with S1 at the very left and S32 at the very right. Whichever the figure, alleles that never attained a frequency of 0.2 are unshown for a matter of clarity. Markers **A.** Ld 148; **B.** Ld 371; **C.** Lo454-17 and **D.** Lo454-28.



**Figure S4.** Mapping of asymmetric eigenvector maps attributed to each site, representing connectivity via larval dispersal attributed to each site. Color similarity represents similarity in AEM values. **A.** Map view of the values of the first asymmetric eigenvector maps (AEM1) attributed to each site in the overall dataset (32 populations). **B.** Map view of the values of AEM2 in the regional dataset (29 populations). **C.** Representation of AEM2 which shows strong connectivity amongst populations near the tip of the peninsula and **D.** AEM16 obtained for the continuous dataset (24 populations). Values for AEM16 indicates that the connectivity between S2 and S4 or the lack of connectivity between S5 and S7 are due to oceanographic currents.