

Table S2. PCA-loadings for PCs 1-3 of the analysis of the complete sampling. BBPM-size-corrected (corr.) and uncorrected dataset (uncorr.). The last column shows K-values (phylogenetic signal) for every trait (size corrected data) for the complete sampling.

uncorr.	PC1	PC2	PC3	corr.	PC1	PC2	PC3	K-statistic
<i>EL</i>	0.23	0.01	-0.19	<i>EL</i>	-0.02	0.17	0.23	0.28
<i>PL</i>	0.21	0.15	0.01	<i>PL</i>	-0.14	0.02	-0.36	0.49
<i>Eld</i>	0.23	0.03	-0.21	<i>Eld</i>	-0.04	0.19	0.19	0.29
<i>Elmb</i>	0.23	-0.02	-0.02	<i>Elmb</i>	0.01	0.01	0.26	0.12
<i>EW</i>	0.22	0	-0.2	<i>EW</i>	0	0.19	0	0.3
<i>Ewb</i>	0.23	0.05	-0.11	<i>Ewb</i>	-0.06	0.1	-0.09	0.2
<i>PW</i>	0.22	0.07	-0.18	<i>PW</i>	-0.07	0.18	-0.07	0.26
<i>BH</i>	0.22	-0.03	-0.21	<i>BH</i>	0.02	0.2	0.01	0.16
<i>EH</i>	0.23	0.08	-0.57	<i>EH</i>	-0.08	0.55	-0.02	0.22
<i>HW</i>	0.21	0.06	0.01	<i>HW</i>	-0.06	0.01	0.18	0.35
<i>IOD</i>	0.21	0.11	-0.13	<i>IOD</i>	-0.1	0.16	-0.06	0.41
<i>ED</i>	0.22	0.05	0.06	<i>ED</i>	-0.06	-0.06	0.34	0.34
<i>PTL</i>	0.24	0.27	0.33	<i>PTL</i>	-0.29	-0.33	0.03	0.9
<i>PFL</i>	0.23	0.09	0.27	<i>PFL</i>	-0.1	-0.26	0.09	0.46
<i>PFW</i>	0.22	0.07	0.11	<i>PFW</i>	-0.07	-0.09	-0.34	0.2
<i>MTL</i>	0.26	0.08	0.37	<i>MTL</i>	-0.11	-0.4	0.21	0.85
<i>MTW</i>	0.24	-0.14	0.13	<i>MTW</i>	0.12	-0.16	-0.48	0.35
<i>MFL</i>	0.23	0	0.3	<i>MFL</i>	-0.01	-0.31	0.12	0.28
<i>MFW</i>	0.23	-0.19	0.1	<i>MFW</i>	0.17	-0.12	-0.35	0.26
<i>MCW</i>	0.19	-0.89	0.04	<i>MCW</i>	0.89	-0.05	0.12	3.21