

Supplementary Material

Table 1. Simulation results for the precision of the SMR estimates.

I	S	Loq	Hiq	Mae	Rmse	Med	M
10	0.20	0.01	0.58	0.129	0.166	0.22	0.25
10	0.35	0.06	0.74	0.148	0.183	0.36	0.37
10	0.50	0.14	0.85	0.154	0.188	0.49	0.50
10	0.70	0.29	0.95	0.144	0.178	0.68	0.67
35	0.20	0.06	0.41	0.074	0.093	0.20	0.22
35	0.35	0.15	0.57	0.087	0.109	0.35	0.36
35	0.50	0.28	0.71	0.091	0.113	0.50	0.50
35	0.70	0.47	0.87	0.084	0.105	0.69	0.69
100	0.20	0.10	0.32	0.044	0.056	0.20	0.21
100	0.35	0.22	0.48	0.053	0.066	0.35	0.35
100	0.50	0.36	0.63	0.055	0.069	0.49	0.50
100	0.70	0.56	0.81	0.051	0.064	0.69	0.70

Statistics of the posterior distribution of the SMR estimates are given for varying values of the number of single-infested cells (*i*) and true SMR value (*s*); The statistics are: loq, 2.5% quantile; hiq, 97.5% quantile, mae: mean average error, rmse: root mean squared error, med: median, m: mean.