

Table S6. Mitogenomic organization of *Doleschallia bisaltide*.

Gene	position		Size (bp)	Intergenic nucleotides	codon		Strand
	from	to			start	stop	
<i>trnM</i>	1	68	68				J
<i>trnI</i>	71	135	65	2			J
<i>trnQ</i>	133	201	69	-3			N
<i>nad2</i>	250	1263	1014	48	ATT	TAA	J
<i>trnW</i>	1262	1330	69	-2			J
<i>trnC</i>	1323	1384	62	-8			N
<i>trnY</i>	1384	1448	65	-1			N
<i>cox1</i>	1451	2981	1531	2	CGA	T	J
<i>trnL2</i>	2982	3049	68	0			J
<i>cox2</i>	3050	3725	676	0	ATG	T	J
<i>trnK</i>	3726	3796	71	0			J
<i>trnD</i>	3796	3864	69	-1			J
<i>atp8</i>	3865	4029	165	0	ATT	TAA	J
<i>atp6</i>	4023	4700	678	-7	ATG	TAA	J
<i>cox3</i>	4700	5488	789	-1	ATG	TAA	J
<i>trnG</i>	5491	5556	66	2			J
<i>nad3</i>	5557	5910	354	0	ATT	TAA	J
<i>trnA</i>	5926	5989	64	15			J
<i>trnR</i>	5990	6052	63	0			J
<i>trnN</i>	6053	6118	66	0			J

Gene	position		Size (bp)	Intergenic nucleotides	codon		Strand
	from	to			start	stop	
<i>trnS1</i>	6117	6177	61	-2			J
<i>trnE</i>	6182	6246	65	4			J
<i>trnF</i>	6265	6329	65	18			N
<i>nad5</i>	6327	8061	1735	-3	ATT	T	N
<i>trnH</i>	8062	8127	66	0			N
<i>nad4</i>	8128	9466	1339	0	ATG	T	N
<i>nad4L</i>	9467	9754	288	0	ATG	TAA	N
<i>trnT</i>	9765	9828	64	10			J
<i>trnP</i>	9829	9893	65	0			N
<i>nad6</i>	9896	10423	528	2	ATT	TAA	J
<i>cytb</i>	10430	11578	1149	6	ATG	TAA	J
<i>trnS2</i>	11590	11656	67	11			J
<i>nad1</i>	11655	12611	957	-2	ATG	TAA	N
<i>trnL1</i>	12613	12681	69	1			N
<i>rrnL</i>	12682	14007	1326	0			N
<i>trnV</i>	14008	14072	65	0			N
<i>rrnS</i>	14073	14847	775	0			N
CR	14848	16389	1542	0			