

Supplementary material (Tables S1–S7) to: Yao G. et al. 2023: Mitochondrial genomes of Bombyliidae (Diptera) and a phylogenetic analysis of Asiloidea. — *Eur. J. Entomol.* 120: 349–356.

Table S1. Mitochondrial genome organization of *Villa fasciata*.

Gene	Direction	Location	Size	Anticodon	Codon		Intergenic nucleotides
					Start	Stop	
<i>tRNA^{Ile}</i>	J	1-66	66	30-32GAT			48
<i>tRNA^{Gln}</i>	N	100-168	69	137-139TTG			-2
<i>tRNA^{Met}</i>	J	172-243	66	203-205CAT			0
<i>ND2</i>	J	241-1269	1006		ATC	T+Trp	0
<i>tRNA^{Trp}</i>	J	1271-1337	68	1301-1303TCA			-8
<i>tRNA^{Cys}</i>	N	1330-1391	62	1359-1361GCA			0
<i>tRNA^{Tyr}</i>	N	1392-1458	64	1425-1427GTA			-2
<i>COI</i>	J	1457-2995	1535		TTG	TA+Leu2	0
<i>tRNA^{Leu (UUR)}</i>	J	2991-3056	62	3020-3022TAA			0
<i>COII</i>	J	3061-3745	685		ATC	T+Lys	0
<i>tRNA^{Lys}</i>	J	3746-3816	70	3777-3779CTT			-1
<i>tRNA^{Asp}</i>	J	3817-3883	62	3849-3851GTC			0
<i>ATP8</i>	J	3884-4045	162		TTG	TAA	-7
<i>ATP6</i>	J	4039-4716	672		ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	J	4716-5504	784		ATG	T+Gly	0
<i>tRNA^{Gly}</i>	J	5508-5572	62	5539-5541TCC			-3
<i>ND3</i>	J	5573-5926	352		ATA	T+Ala	0
<i>tRNA^{Ala}</i>	J	5928-5992	63	5958-5960TGC			-1
<i>tRNA^{Arg}</i>	J	6001-6064	60	6031-6033TCG			-3
<i>tRNA^{Asn}</i>	J	6065-6130	63	6097-6099GTT			-3
<i>tRNA^{Ser (AGN)}</i>	J	6131-6196	61	6156-6158GCT			-1
<i>tRNA^{Glu}</i>	J	6197-6262	60	6228-6230TTC			4
<i>tRNA^{Phe}</i>	N	6285-6348	65	6317-6319GAA			0
<i>ND5</i>	N	6349-8062	1729		ATA	T+Phe	0
<i>tRNA^{His}</i>	N	8078-8143	61	8112-8114GTG			0
<i>ND4</i>	N	8141-9479	1327		ATG	T+His	-7
<i>ND4L</i>	N	9473-9772	294		ATG	TAA	5
<i>tRNA^{Thr}</i>	J	9778-9841	63	9808-9810TGT			0
<i>tRNA^{Pro}</i>	N	9842-9907	61	9876-9878TGG			2
<i>ND6</i>	J	9910-10431	522		ATT	TAA	-1
<i>CytB</i>	J	10431-11567	1135		ATG	T+Ser2	0
<i>tRNA^{Ser (UCN)}</i>	J	11566-11635	62	11598-11600TGA			0
<i>ND1</i>	N	11643-12596	959		TTG	AT+Ser2	0
<i>tRNA^{Leu (CUN)}</i>	N	12597-12661	61	12631-12633TAG			0
<i>lrRNA</i>	N	12662-14000	1312				0
<i>tRNA^{Val}</i>	N	14001-14072	69	14038-14040TAC			0
<i>srRNA</i>	N	14073-14861	783				0
<i>A+T</i>		14862-17992	1815				0
<i>rich-region</i>							

Table S2. Mitochondrial genome organization of *Bombylius candidus*.

Gene	Direction	Location	Size	Anticodon	Codon		Intergenic nucleotides
					Start	Stop	
<i>tRNA^{Gln}</i>	N	1-69	69	37-39TTG			6
<i>tRNA^{Met}</i>	J	76-144	69	106-108CAT			0
<i>ND2</i>	J	145-1174	1030		ATC	T+Trp	0
<i>tRNA^{Trp}</i>	J	1175-1243	69	1205-1207TCA			-8
<i>tRNA^{Cys}</i>	N	1236-1301	66	1267-1269GCA			3
<i>tRNA^{Tyr}</i>	N	1305-1369	65	1336-1338GTA			-2
<i>COI</i>	J	1368-2903	1536		TCG	TAA	2
<i>tRNA^{Leu (UUR)}</i>	J	2906-2971	66	2935-2937TAA			4
<i>COII</i>	J	2976-3660	688		ATG	T+Lys	0
<i>tRNA^{Lys}</i>	J	3664-3734	71	3694-3696CTT			6
<i>tRNA^{Asp}</i>	J	3741-3807	67	3773-3775GTC			0
<i>ATP8</i>	J	3808-3969	162		ATT	TAA	-7
<i>ATP6</i>	J	3963-4640	678		ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	J	4640-5428	789		ATG	TAA	8
<i>tRNA^{Gly}</i>	J	5437-5503	67	5467-5469TCC			0
<i>ND3</i>	J	5504-5857	354		ATT	TAA	49
<i>tRNA^{Ala}</i>	J	5907-5972	66	5936-5938TGC			0
<i>tRNA^{Arg}</i>	J	5973-6036	64	6002-6004TCG			2
<i>tRNA^{Asn}</i>	J	6039-6103	65	6069-6071GTT			0
<i>tRNA^{Ser (AGN)}</i>	J	6104-6170	67	6129-6131GCT			0
<i>tRNA^{Glu}</i>	J	6171-6236	66	6202-6204TTC			25
<i>tRNA^{Phe}</i>	N	6262-6331	70	6297-6299GAA			0
<i>ND5</i>	N	6332-8051	1720		ATT	T+Phe	15
<i>tRNA^{His}</i>	N	8067-8132	66	8100-8102GTG			0
<i>ND4</i>	N	8133-9471	1339		ATG	T+His	-7
<i>ND4L</i>	N	9465-9752	288		ATG	TAA	5
<i>tRNA^{Thr}</i>	J	9758-9821	64	9788-9790TGT			0
<i>tRNA^{Pro}</i>	N	9822-9886	65	9854-9856TGG			2
<i>ND6</i>	J	9889-10416	528		ATT	TAA	-1
<i>CYTB</i>	J	10416-11552	1137		ATG	TAA	1
<i>tRNA^{Ser (UCN)}</i>	J	11554-11621	68	11583-11585TGA			7
<i>ND1</i>	N	11629-12582	954		TTG	TAA	0
<i>tRNA^{Leu (CUN)}</i>	N	12583-12647	65	12616-12618TAG			0
<i>lrRNA</i>	N	12648-13976	1329				0
<i>tRNA^{Val}</i>	N	13977-14047	71	14013-14015TAC			0
<i>srRNA</i>	N	14048-14816	769				0
<i>A+T</i>		14817-15036	220				0
<i>rich-region</i>							

Table S3. Mitochondrial genome organization of *Heteralonia anemosyris*.

Gene	Direction	Location	Size	Anticodon	Codon		Intergenic nucleotides
					Start	Stop	
<i>tRNA^{Gln}</i>	N	1-69	69	37-39TTG			-1
<i>tRNA^{Met}</i>	J	69-137	69	99-101CAT			0
<i>ND2</i>	J	138-1161	1024		ATT	T+Trp	0
<i>tRNA^{Trp}</i>	J	1162-1228	67	1192-1194TCA			-8
<i>tRNA^{Cys}</i>	N	1221-1284	64	1253-1255GCA			0
<i>tRNA^{Tyr}</i>	N	1285-1350	66	1318-1320GTA			0
<i>COI</i>	J	1349-2882	1534		TCG	T+Leu2	0
<i>tRNA^{Leu (UUR)}</i>	J	2883-2949	67	2912-2914TAA			3
<i>COII</i>	J	2953-3637	685		ATG	T+Lys	0
<i>tRNA^{Lys}</i>	J	3638-3708	71	3668-3670CTT			2
<i>tRNA^{Asp}</i>	J	3711-3788	68	3742-3744GTC			0
<i>ATP8</i>	J	3779-3940	162		ATT	TAA	0
<i>ATP6</i>	J	3934-4611	678		ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	J	4611-5399	789		ATG	TAA	3
<i>tRNA^{Gly}</i>	J	5403-5468	66	5434-5436TCC			9
<i>ND3</i>	J	5478-5820	343		TTA	T+Ala	0
<i>tRNA^{Ala}</i>	J	5821-5885	65	5850-5852TGC			-1
<i>tRNA^{Arg}</i>	J	5885-5947	63	5914-5916TCG			0
<i>tRNA^{Asn}</i>	J	5948-6013	66	5979-5981GTT			0
<i>tRNA^{Ser (AGN)}</i>	J	6014-6079	66	6038-6040GCT			0
<i>tRNA^{Glu}</i>	J	6080-6146	67	6110-6112TTC			28
<i>tRNA^{Phe}</i>	N	6175-6238	64	6206-6208GAA			0
<i>ND5</i>	N	6239-7952	1714		ATT	T+Phe	15
<i>tRNA^{His}</i>	N	7968-8032	65	7997-7999GTG			0
<i>ND4</i>	N	8033-9368	1336		ATG	T+His	-7
<i>ND4L</i>	N	9362-9661	300		ATG	TAA	8
<i>tRNA^{Thr}</i>	J	9670-9734	65	9700-9702TGT			0
<i>tRNA^{Pro}</i>	N	9735-9800	66	9768-9770TGG			2
<i>ND6</i>	J	9803-10324	522		ATT	TAA	-1
<i>CytB</i>	J	10324-11460	1137		ATG	TAA	8
<i>tRNA^{Ser (UCN)}</i>	J	11469-11537	69	11499-11501TGA			7
<i>ND1</i>	N	11545-12498	954		TTG	TAG	0
<i>tRNA^{Leu (CUN)}</i>	N	12499-12563	65	12532-12534TAG			0
<i>lrRNA</i>	N	12564-13896	1333				0
<i>tRNA^{Val}</i>	N	13897-13969	73	13933-13935TAC			0
<i>srRNA</i>	N	13970-14604	635				0
<i>A+T</i>		14605-17451	3482				0
<i>rich-region</i>							

Table S4. Mitochondrial genome organization of *Ligyra guangdongana*.

Gene	Direction	Location	Size	Anticodon	Codon		Intengenic nucleotides
					Start	Stop	
<i>tRNA^{Ile}</i>	J	1-67	67	30-32GAT			-3
<i>tRNA^{Gln}</i>	N	65-133	69	101-103TTG			0
<i>tRNA^{Met}</i>	J	134-202	69	164-166CAT			0
<i>ND2</i>	J	203-1229	1027		ATT	T+Trp	0
<i>tRNA^{Trp}</i>	J	1230-1296	67	1260-1262TCA			-8
<i>tRNA^{Cys}</i>	N	1289-1351	63	1320-1322GCA			-1
<i>tRNA^{Tyr}</i>	N	1351-1416	66	1382-1384GTA			-2
<i>COI</i>	J	1415-2948	1534		TCG	T+Leu2	0
<i>tRNA^{Leu (UUR)}</i>	J	2949-3014	66	2978-2980TAA			4
<i>COII</i>	J	3019-3703	685		ATG	T+Lys	0
<i>tRNA^{Lys}</i>	J	3704-3774	71	3734-3736CTT			-1
<i>tRNA^{Asp}</i>	J	3774-3839	66	3804-3806GTC			0
<i>ATP8</i>	J	3840-4001	162		ATT	TAA	-7
<i>ATP6</i>	J	3995-4672	678		ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	J	4672-5460	789		ATG	TAA	3
<i>tRNA^{Gly}</i>	J	5464-5530	67	5496-5498TCC			0
<i>ND3</i>	J	5531-5882	352		ATC	T+Ala	0
<i>tRNA^{Ala}</i>	J	5883-5947	65	5912-5914TGC			-1
<i>tRNA^{Arg}</i>	J	5947-6009	63	5976-5978TCG			0
<i>tRNA^{Asn}</i>	J	6010-6074	65	6040-6042GTT			0
<i>tRNA^{Ser (AGN)}</i>	J	6075-6140	66	6099-6101GCT			0
<i>tRNA^{Glu}</i>	J	6141-6207	67	6171-6173TTC			27
<i>tRNA^{Phe}</i>	N	6235-6299	65	6267-6269GAA			0
<i>ND5</i>	N	6300-8013	1714		ATT	T+Phe	15
<i>tRNA^{His}</i>	N	8029-8095	67	8063-8065GTG			0
<i>ND4</i>	N	8096-9428	1333		ATG	T+His	-7
<i>ND4L</i>	N	9422-9721	300		ATG	TAA	7
<i>tRNA^{Thr}</i>	J	9729-9792	64	9758-9760TGT			0
<i>tRNA^{Pro}</i>	N	9793-9858	66	9826-9828TGG			2
<i>ND6</i>	J	9861-10382	522		ATC	TAA	-1
<i>CytB</i>	J	10382-11516	1135		ATG	T+Ser2	0
<i>tRNA^{Ser (UCN)}</i>	J	11517-11585	69	11547-11549TGA			0
<i>ND1</i>	N	11584-12546	961		TTG	A+Ser2	0
<i>tRNA^{Leu (CUN)}</i>	N	12547-12611	65	12580-12582TAG			0
<i>lrRNA</i>	N	12612-13940	1329				0
<i>tRNA^{Val}</i>	N	13941-14012	72	13977-13979TAC			0
<i>srRNA</i>	N	14013-14825	813				0
<i>A+T rich-region 1</i>		14826-16376	1551				0
<i>A+T rich-region 2</i>		16377-16670	294				

Note: A+T rich-region is divided into two parts because it is not fully sequenced.

Table S5. Mitochondrial genome organization of *Systropus excisus*.

Gene	Direction	Location	Size	Anticodon	Codon		Intengenic nucleotides
					Start	Stop	
<i>tRNA^{Ile}</i>	J	1-62	62	30-32GAT			48
<i>tRNA^{Gln}</i>	N	111-179	69	147-149TTG			-2
<i>tRNA^{Met}</i>	J	178-243	66	208-210CAT			0
<i>ND2</i>	J	244-1249	1006		ATC	T+Trp	0
<i>tRNA^{Trp}</i>	J	1250-1311	62	1280-1282TCA			-8
<i>tRNA^{Cys}</i>	N	1304-1365	62	1335-1337GCA			0
<i>tRNA^{Tyr}</i>	N	1366-1429	64	1395-1397GTA			-2
<i>COI</i>	J	1428-2962	1535		TTG	TA+Leu2	0
<i>tRNA^{Leu} (UUR)</i>	J	2963-3024	62	2992-2994TAA			0
<i>COII</i>	J	3025-3709	685		ATC	T+Lys	0
<i>tRNA^{Lys}</i>	J	3710-3779	70	3740-3742CTT			-1
<i>tRNA^{Asp}</i>	J	3779-3840	62	3809-3811GTC			0
<i>ATP8</i>	J	3841-4002	162		TTG	TAA	-7
<i>ATP6</i>	J	3996-4667	672		ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	J	4667-5450	784		ATG	T+Gly	0
<i>tRNA^{Gly}</i>	J	5451-5512	62	5482-5484TCC			-3
<i>ND3</i>	J	5510-5861	352		ATA	T+Ala	0
<i>tRNA^{Ala}</i>	J	5862-5924	63	5891-5893TGC			-1
<i>tRNA^{Arg}</i>	J	5924-5983	60	5948-5950TCG			-3
<i>tRNA^{Asn}</i>	J	5981-6043	63	6011-6013GTT			-3
<i>tRNA^{Ser} (AGN)</i>	J	6041-6101	61	6062-6064GCT			-1
<i>tRNA^{Glu}</i>	J	6101-6160	60	6129-6131TTC			4
<i>tRNA^{Phe}</i>	N	6165-6229	65	6193-6195GAA			0
<i>ND5</i>	N	6230-7958	1729		ATA	T+Phe	0
<i>tRNA^{His}</i>	N	7959-8019	61	7987-7989GTG			0
<i>ND4</i>	N	8020-9346	1327		ATG	T+His	-7
<i>ND4L</i>	N	9340-9633	294		ATG	TAA	5
<i>tRNA^{Thr}</i>	J	9639-9701	63	9669-9671TGT			0
<i>tRNA^{Pro}</i>	N	9702-9762	61	9730-9732TGG			2
<i>ND6</i>	J	9765-10286	522		ATT	TAA	-1
<i>CytB</i>	J	10286-11420	1135		ATG	T+Ser2	0
<i>tRNA^{Ser} (UCN)</i>	J	11421-11482	62	11450-11452TGA			0
<i>ND1</i>	N	11483-12441	959		TTG	AT+Ser2	0
<i>tRNA^{Leu} (CUN)</i>	N	12442-12502	61	12471-12473TAG			0
<i>lrRNA</i>	N	12503-13814	1312				0
<i>tRNA^{Val}</i>	N	13815-13883	69	13851-13853TAC			0
<i>srRNA</i>	N	13884-14666	783				0
<i>A+T rich-region 1</i>		14667-14989	323				0
<i>A+T rich-region 2</i>		14990-15698	709				

Note: A+T rich-region is divided into two parts because it is not fully sequenced.

Table S6. Mitochondrial genome organization of *Exhyalanthrax afer*.

Gene	Direction	Location	Size	Anticodon	Codon		Intengenic nucleotides
					Start	Stop	
<i>tRNA^{Ile}</i>	J	1-66	66	30-32GAT			-3
<i>tRNA^{Gln}</i>	N	64-132	69	100-102TTG			-1
<i>tRNA^{Met}</i>	J	132-200	69	162-164CAT			57
<i>ND2</i>	J	258-1227	970		ATT	T+Trp	0
<i>tRNA^{Trp}</i>	J	1228-1294	67	1258-1260TCA			-8
<i>tRNA^{Cys}</i>	N	1287-1350	64	1319-1321GCA			0
<i>tRNA^{Tyr}</i>	N	1351-1417	67	1382-1384GTA			-2
<i>COI</i>	J	1416-2949	1534		TCG	T+Leu2	0
<i>tRNA^{Leu (UUR)}</i>	J	2950-3015	66	2979-2981TAA			4
<i>COII</i>	J	3020-3704	685		ATG	T+Lys	0
<i>tRNA^{Lys}</i>	J	3705-3775	71	3735-3737CTT			-1
<i>tRNA^{Asp}</i>	J	3775-3841	67	3805-3807GTC			0
<i>ATP8</i>	J	3842-4003	162		ATT	TAA	-7
<i>ATP6</i>	J	3997-4674	678		ATG	TAA	-1
<i>COIII</i>	J	4674-5462	789		ATG	TAA	3
<i>tRNA^{Gly}</i>	J	5466-5531	66	5496-5498TCC			-3
<i>ND3</i>	J	5529-5884	356		ATA	TA+Ala	0
<i>tRNA^{Ala}</i>	J	5885-5949	65	5914-5916TGC			-1
<i>tRNA^{Arg}</i>	J	5949-6011	63	5978-5980TCG			0
<i>tRNA^{Asn}</i>	J	6012-6077	66	6043-6045GTT			0
<i>tRNA^{Ser (AGN)}</i>	J	6078-6144	67	6103-6105GCT			0
<i>tRNA^{Glu}</i>	J	6145-6211	67	6175-6177TTC			22
<i>tRNA^{Phe}</i>	N	6234-6299	66	6265-6267GAA			0
<i>ND5</i>	N	6300-8013	1714		ATT	T+Phe	15
<i>tRNA^{His}</i>	N	8029-8093	65	8061-8063GTG			0
<i>ND4</i>	N	8094-9430	1337		ATG	TA+His	-7
<i>ND4L</i>	N	9424-9723	300		ATG	TAA	7
<i>tRNA^{Thr}</i>	J	9731-9795	65	9761-9763TGT			2
<i>tRNA^{Pro}</i>	N	9796-9861	66	9829-9831TGG			2
<i>ND6</i>	J	9864-10385	522		ATC	TAA	-1
<i>CytB</i>	J	10385-11519	1135		ATG	T+Ser2	0
<i>tRNA^{Ser (UCN)}</i>	J	11520-11588	69	11550-11552TGA			-2
<i>ND1</i>	N	11596-12549	954		TTG	TAG	0
<i>tRNA^{Leu (CUN)}</i>	N	12550-12614	65	12583-12585TAG			1
<i>lrRNA</i>	N	12615-13938	1324				0
<i>tRNA^{Val}</i>	N	13939-14010	72	13975-13977TAC			0
<i>srRNA</i>	N	14011-14789	779				0
<i>A+T rich-region 1</i>		14790-15935	1146				0
<i>A+T rich-region 2</i>		15936-16062	127				

Note: A+T rich-region is divided into two parts because it is not fully sequenced.

Table S7. The size of PCGs, tRNAs, *rrnL*, *rrnS* and CR in the mt genomes sequenced.

	<i>Villa fasciata</i>	<i>Bombylius candidus</i>	<i>Heteralonia anemosyris</i>	<i>Ligyra guangdongana</i>	<i>Systropus excisus</i>	<i>Exhyalanthrax afer</i>
PCGs	11162	11203	11178	11192	11162	11136
tRNAs	1328	1406	1401	1465	1390	1468
<i>rrnL</i>	1312	1329	1333	1329	1312	1324
<i>rrnS</i>	783	769	635	813	783	779
CR	1815	220	3482	1845	1815	1273
whole	17992	15036	17451	16670	15698	16062