

Table S3. Tandem repeats in the *D. lasianthera* mitogenome

Indices	Period Size	Copy Number	Consensus Size	Percent Matches	Percent Indels	Score	A	C	G	T	Entropy (0-2)
14224--14263	20	2.0	20	90	0	62	65	12	0	22	1.26
17227--17260	11	3.1	11	100	0	68	61	0	29	8	1.26
19569--19599	15	2.1	15	100	0	62	48	6	6	38	1.55
27319--27351	17	1.9	17	100	0	66	69	6	12	12	1.35
55834--55866	17	1.9	17	100	0	66	12	12	6	69	1.35
80518--80550	17	1.9	17	100	0	66	69	6	12	12	1.35
121832--121870	21	1.9	19	90	10	60	12	25	7	53	1.65
177133--177193	25	2.4	25	100	0	122	8	36	13	42	1.74
221187--221219	17	1.9	17	100	0	66	12	12	6	69	1.35
223567--223620	18	3.0	18	100	0	108	33	16	5	44	1.71
239518--239547	10	3.0	10	100	0	60	60	0	0	40	0.97
244083--244116	17	2.0	17	100	0	68	29	41	17	11	1.85
246375--246407	17	1.9	17	100	0	66	12	12	6	69	1.35
312071--312105	13	2.8	13	91	4	54	37	17	0	45	1.48
343357--343394	15	2.4	17	91	8	62	44	7	5	42	1.56
347321--347350	15	2.0	15	93	0	51	6	16	13	63	1.50
379623--379655	17	1.9	17	100	0	66	12	12	6	69	1.35
418673--418704	16	2.0	16	100	0	64	18	25	25	31	1.98
432808--432837	15	2.0	15	100	0	60	46	13	20	20	1.83
470091--470172	24	3.4	23	90	8	103	10	40	15	32	1.83
470104--470183	25	3.2	25	94	1	135	15	37	18	28	1.91

Parameters: Total length (Period size * Copy number) >= 30 and Percent Matches >= 90%