

**Sup. Table 1.** Individual gene size of the lepidopteran mitogenomes

	I	Q	M	W	C	Y	L*	K	D	G	A	R	N	S	E	F	H	T	P	S*	L	V	N2	C1	C2	A8	A6	C3	N3	N5	N4	4L	N6	CB	N1	lr	sr
<i>Ahon</i>	66	99	68	69	62	65	66	70	55	66	64	64	66	67	67	65	64	63	65	63	67	65	999	1531	682	162	681	789	357	1746	1401	291	528	1156	939	1387	779
<i>Aper</i>	64	70	67	68	61	66	66	80	37	66	66	65	65	66	66	71	69	65	65	66	68	67	1011	1530	681	165	663	786	351	1755	1338	288	534	1146	936	1369	775
<i>Ayam</i>	67	64	69	68	63	67	67	71	69	67	66	65	65	66	66	69	66	65	65	69	71	68	1014	1540	682	186	677	789	357	1744	1341	292	535	1155	933	1380	776
<i>Cboi</i>	64	69	67	69	63	65	69	71	73	67	67	65	64	67	70	68	66	65	68	66	68	67	1014	1539	682	165	677	789	352	1758	1341	290	528	1161	939	1391	774
<i>Bman</i>	66	69	68	70	67	66	67	71	67	66	64	64	67	67	64	67	67	66	68	66	71	72	1020	1530	681	159	663	786	348	1716	1338	288	528	1155	942	1377	783
<i>Bmor</i>	66	70	64	70	65	62	67	71	68	66	68	64	67	67	65	65	67	65	66	66	71	68	1002	1530	681	159	663	786	348	1716	1338	288	528	1149	942	1378	783
<i>Msex</i>	65	69	69	67	64	66	67	71	72	66	70	68	66	66	70	68	69	67	65	66	68	65	1014	1530	681	162	675	789	351	1722	1332	285	528	1152	933	1391	777
<i>Patr</i>	66	69	68	70	68	66	67	71	66	67	65	65	66	68	67	67	67	64	65	69	69	66	999	1530	681	162	675	786	351	1731	1353	288	537	1149	930	1400	803
<b><i>Pbre</i></b>	<b>64</b>	<b>69</b>	<b>69</b>	<b>66</b>	<b>66</b>	<b>64</b>	<b>67</b>	<b>71</b>	<b>67</b>	<b>67</b>	<b>66</b>	<b>66</b>	<b>67</b>	<b>61</b>	<b>66</b>	<b>70</b>	<b>64</b>	<b>66</b>	<b>65</b>	<b>67</b>	<b>69</b>	<b>65</b>	<b>1014</b>	<b>1536</b>	<b>682</b>	<b>165</b>	<b>678</b>	<b>789</b>	<b>357</b>	<b>1737</b>	<b>1341</b>	<b>291</b>	<b>531</b>	<b>1149</b>	<b>939</b>	<b>1344</b>	<b>773</b>
<i>Amel</i>	64	69	66	66	62	65	66	71	66	65	67	67	66	60	65	66	64	62	66	65	67	65	1011	1530	678	159	675	789	351	1722	1335	288	525	1149	933	1319	777
<i>Crap</i>	65	69	69	67	64	65	67	71	70	66	65	67	66	65	65	67	67	65	65	63 (62)	70	65	1014	1535	667	159	677	789	354	1720	1340	287	527	1144	942	1330	777
<i>Olun</i>	61	69	71	165	69	65	68	71	75	66	71	66	67	68	74	71	67	64	65	69	69	67	1011	1533	684	159	675	789	351	1746	1359	300	537	1152	939	1351	806
<i>Ofur</i>	68	69	32	67	63	63	67	71	70	66	67	63	67	68	66	66	67	66	65	68	68	66	1002	1536	682	162	675	792	354	1737	1347	294	537	1146	930	1339	435
<i>Onub</i>	68	69	32	67	63	63	67	71	67	67	65	66	67	68	66	67	67	67	68	68	66	1002	1536	682	162	675	792	351	1737	1347	294	537	1146	930	1339	434	

The 22 tRNAs are denoted by one-letter symbol and L\*, L, S\*, and S denote tRNA<sup>Leu</sup>(UUR), tRNA<sup>Leu</sup>(CUN), tRNA<sup>Ser</sup>(AGN), and tRNA<sup>Ser</sup>(UCN), respectively. N2, C1, C2, A8, A6, C3, N3, N5, N4, 4L, N6, CB, and N1 represent the ND2, CO I, CO II, ATP8, ATP6, COIII, ND3, ND5, ND4, ND4L, ND6, CytB, and ND1, respectively. Species names are abbreviated by using one alphabet from genus name and three alphabets from species name. Full name of the species are presented in Table 2.

**Sup. Table 2.** Codon usage of all sequenced lepidopteran insects

a.a	Codon	<i>A. honmai</i>			<i>A. pernyi</i>			<i>A. yamamai</i>			<i>C. boisduvalii</i>		
		n	%	RSCU	n	%	RSCU	n	%	RSCU	n	%	RSCU
Ala (A)	GCA	40	1.07	1.30	36	0.96	1.08	38	1.02	1.14	30	0.80	0.92
	GCC	9	0.24	0.29	8	0.21	0.24	10	0.27	0.30	6	0.16	0.18
	GCG	4	0.11	0.13	2	0.05	0.06	3	0.08	0.09	4	0.11	0.12
Arg (R)	GCT	70	1.87	2.28	87	2.33	2.62	82	2.20	2.47	90	2.41	2.77
	CGA	38	1.02	1.80	34	0.91	1.53	35	0.94	1.64	30	0.80	1.34
	CGC	2	0.05	0.09	1	0.03	0.05	1	0.03	0.05	2	0.05	0.09
	CGG	3	0.08	0.14	2	0.05	0.09	4	0.11	0.19	3	0.08	0.13
Asp (D)	CGT	10	0.27	0.47	16	0.43	0.72	13	0.35	0.61	18	0.48	0.81
	GAC	8	0.21	0.25	4	0.11	0.12	7	0.19	0.22	8	0.21	0.25
	GAT	56	1.50	1.75	64	1.71	1.88	56	1.50	1.78	56	1.50	1.75
Asn (N)	AAC	16	0.43	0.12	20	0.54	0.17	14	0.38	0.11	14	0.37	0.11
	AAT	246	6.58	1.88	221	5.92	1.83	231	6.19	1.89	233	6.24	1.89
Cys (C)	TGC	4	0.11	0.22	5	0.13	0.32	1	0.03	0.06	3	0.08	0.19
	TGT	33	0.88	1.78	26	0.70	1.68	30	0.80	1.94	28	0.75	1.81
Glu (E)	GAA	67	1.79	1.86	65	1.74	1.83	64	1.72	1.75	65	1.74	1.78
	GAG	5	0.13	0.14	6	0.16	0.17	9	0.24	0.25	8	0.21	0.22
Gln (Q)	CAA	61	1.63	1.91	61	1.63	1.94	62	1.66	1.97	60	1.61	1.88
	CAG	3	0.08	0.09	2	0.05	0.06	1	0.03	0.03	4	0.11	0.13
Gly (G)	GGA	117	3.13	2.28	118	3.16	2.37	116	3.11	2.30	114	3.05	2.33
	GGC	8	0.21	0.16	6	0.16	0.12	7	0.19	0.14	2	0.05	0.04
	GGG	28	0.75	0.55	31	0.83	0.62	30	0.80	0.59	32	0.86	0.65
	GGT	52	1.39	1.01	44	1.18	0.88	49	1.31	0.97	48	1.29	0.98
His (H)	CAC	7	0.19	0.20	2	0.05	0.06	4	0.11	0.12	8	0.21	0.24
	CAT	62	1.66	1.80	66	1.77	1.94	64	1.72	1.88	59	1.58	1.76
Ile (I)	ATA	265	7.09	1.14	238	6.38	1.04	247	6.62	1.07	250	6.70	1.06
	ATC	32	0.86	0.14	28	0.75	0.12	18	0.48	0.08	27	0.72	0.11
	ATT	401	10.73	1.72	418	11.20	1.83	430	11.53	1.86	430	11.52	1.82
Leu (L)	TTA	442	11.83	4.82	464	12.43	4.97	462	12.39	4.92	463	12.40	5.03
	TTG	28	0.75	0.31	14	0.38	0.15	11	0.29	0.12	20	0.54	0.22
	CTA	32	0.86	0.35	17	0.46	0.18	23	0.62	0.25	19	0.51	0.21
	CTC	3	0.08	0.03	5	0.13	0.05	6	0.16	0.06	5	0.13	0.05
	CTG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00
	CTT	45	1.20	0.49	60	1.61	0.64	61	1.64	0.65	45	1.21	0.49
Lys (K)	AAA	97	2.60	1.76	95	2.55	1.78	100	2.68	1.87	94	2.52	1.81
	AAG	13	0.35	0.24	12	0.32	0.22	7	0.19	0.13	10	0.27	0.19
Met (M)	ATG	20	0.54	1.00	21	0.56	1.00	22	0.59	1.00	18	0.48	1.00
Phe (F)	TTC	32	0.86	0.17	29	0.78	0.15	29	0.78	0.15	29	0.78	0.14
	TTT	339	9.07	1.83	368	9.86	1.85	367	9.84	1.85	376	10.07	1.86
Pro (P)	CCA	26	0.70	0.82	36	0.96	1.15	31	0.83	1.00	33	0.88	1.05
	CCC	11	0.29	0.35	20	0.54	0.64	18	0.48	0.58	13	0.35	0.41
	CCG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	2	0.05	0.06	1	0.03	0.03
	CCT	90	2.41	2.83	69	1.85	2.21	73	1.96	2.35	79	2.12	2.51
Ser (S)	AGA	72	1.93	3.40	79	2.12	3.56	74	1.98	3.47	81	2.17	3.63
	AGC	2	0.05	0.05	6	0.16	0.15	0	0.00	0.00	4	0.11	0.10
	AGG	2	0.05	0.09	1	0.03	0.05	1	0.03	0.05	0	0.00	0.00
	AGT	36	0.96	0.90	31	0.83	0.76	34	0.91	0.86	33	0.88	0.84
	TCA	71	1.90	1.78	76	2.04	1.85	78	2.09	1.97	74	1.98	1.89
	TCC	14	0.37	0.35	18	0.48	0.44	13	0.35	0.33	8	0.21	0.20
	TCG	4	0.11	0.10	2	0.05	0.05	1	0.03	0.03	1	0.03	0.03
Thr (T)	TCT	112	3.00	2.81	113	3.03	2.76	111	2.98	2.81	115	3.08	2.94
	ACA	62	1.66	1.58	56	1.50	1.47	57	1.53	1.48	59	1.58	1.62
	ACC	10	0.27	0.25	18	0.48	0.47	10	0.27	0.26	10	0.27	0.27
	ACG	1	0.03	0.03	4	0.11	0.11	0	0.00	0.00	3	0.08	0.08
	ACT	84	2.25	2.14	74	1.98	1.95	87	2.33	2.26	74	1.98	2.03
Trp (W)	TGA	90	2.41	3.00	91	2.44	3.00	95	2.55	3.00	4	0.11	1.00
	TGG	3	0.08	1.00	4	0.11	1.00	0	0.00	0.00	90	2.41	3.00
Tyr (Y)	TAC	18	0.48	0.18	8	0.21	0.08	8	0.21	0.08	15	0.40	0.15
	TAT	178	4.76	1.82	183	4.90	1.92	183	4.91	1.92	190	5.09	1.85
Val (V)	GTA	59	1.58	1.55	60	1.61	1.63	60	1.61	1.71	69	1.85	2.03
	GTC	3	0.08	0.08	4	0.11	0.11	6	0.16	0.17	2	0.05	0.06
	GTG	9	0.24	0.24	4	0.11	0.11	7	0.19	0.20	7	0.19	0.21
	GTT	81	2.17	2.13	79	2.12	2.15	67	1.80	1.91	58	1.55	1.71
Stop (*)	TAA	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00
	TAG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00

aa	Codon	<i>B. mandarina</i>			<i>B. mori</i>			<i>M. sexta</i>			<i>P. atrilineata</i>		
		n	%	RSCU	n	%	RSCU	n	%	RSCU	n	%	RSCU
Ala (A)	GCA	38	1.02	1.35	37	0.99	1.30	50	1.34	1.65	30	0.81	0.97
	GCC	4	0.11	0.14	5	0.13	0.18	5	0.13	0.17	13	0.35	0.42
	GCG	0	0.00	0.00	1	0.03	0.04	1	0.03	0.03	2	0.05	0.06
Arg (R)	GCT	71	1.91	2.51	71	1.91	2.49	65	1.75	2.15	79	2.12	2.55
	CGA	36	0.97	1.61	37	0.99	1.64	38	1.02	1.61	38	1.02	1.70
	CGC	2	0.05	0.09	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00
	CGG	1	0.03	0.04	1	0.03	0.04	3	0.08	0.13	2	0.05	0.09
Asp (D)	CGT	14	0.38	0.63	15	0.40	0.67	12	0.32	0.51	12	0.32	0.54
	GAC	7	0.19	0.21	5	0.13	0.15	4	0.11	0.12	10	0.27	0.30
Asn (N)	GAT	61	1.64	1.79	62	1.67	1.85	5	0.13	0.04	56	1.50	1.70
	AAC	34	0.91	0.26	35	0.94	0.27	251	6.75	1.96	30	0.81	0.23
Cys (C)	AAT	227	6.10	1.74	223	5.99	1.73	2	0.05	0.13	232	6.23	1.77
	TGC	1	0.03	0.06	5	0.13	0.30	28	0.75	1.87	3	0.08	0.17
Glu (E)	TGT	32	0.86	1.94	28	0.75	1.70	64	1.72	1.80	33	0.89	1.83
	GAA	59	1.59	1.59	68	1.83	1.84	7	0.19	0.20	65	1.75	1.78
Gln (Q)	GAG	15	0.40	0.41	6	0.16	0.16	59	1.59	1.90	8	0.21	0.22
	CAA	55	1.48	1.83	55	1.48	1.83	3	0.08	0.10	60	1.61	1.97
Gly (G)	CAG	5	0.13	0.17	5	0.13	0.17	99	2.66	2.04	1	0.03	0.03
	GGA	94	2.53	1.96	98	2.63	2.03	2	0.05	0.04	93	2.50	1.90
	GGC	3	0.08	0.06	6	0.16	0.12	31	0.83	0.64	4	0.11	0.08
	GGG	18	0.48	0.38	15	0.40	0.31	62	1.67	1.28	40	1.07	0.82
His (H)	GGT	77	2.07	1.60	74	1.99	1.53	4	0.11	0.11	59	1.58	1.20
	CAC	11	0.30	0.34	9	0.24	0.27	68	1.83	1.89	12	0.32	0.35
Ile (I)	CAT	54	1.45	1.66	57	1.53	1.73	285	7.67	1.15	56	1.50	1.65
	ATA	266	7.15	1.10	266	7.15	1.10	20	0.54	0.08	257	6.90	1.09
	ATC	23	0.62	0.10	23	0.62	0.10	439	11.81	1.77	34	0.91	0.14
Leu (L)	ATT	436	11.71	1.80	436	11.72	1.80	487	13.10	5.38	415	11.14	1.76
	TTA	462	12.41	5.24	447	12.02	5.08	11	0.30	0.12	495	13.29	5.33
	TTG	18	0.48	0.20	27	0.73	0.31	17	0.46	0.19	17	0.46	0.18
	CTA	29	0.78	0.33	36	0.97	0.41	1	0.03	0.01	20	0.54	0.22
	CTC	3	0.08	0.03	3	0.08	0.03	1	0.03	0.01	0	0.00	0.00
	CTG	2	0.05	0.02	1	0.03	0.01	26	0.70	0.29	4	0.11	0.04
Lys (K)	CTT	15	0.40	0.17	14	0.38	0.16	93	2.50	1.77	21	0.56	0.23
	AAA	103	2.77	1.81	104	2.80	1.84	12	0.32	0.23	105	2.82	1.91
Met (M)	AAG	11	0.30	0.19	9	0.24	0.16	16	0.43	1.00	5	0.13	0.09
	ATG	26	0.70	1.00	24	0.65	1.00	20	0.54	0.11	28	0.75	1.00
Phe (F)	TTC	26	0.70	0.13	21	0.56	0.11	358	9.63	1.89	23	0.62	0.13
	TTT	368	9.89	1.87	378	10.16	1.89	34	0.91	1.11	338	9.08	1.87
Pro (P)	CCA	54	1.45	1.79	55	1.48	1.82	10	0.27	0.33	33	0.89	1.07
	CCC	10	0.27	0.33	14	0.38	0.46	0	0.00	0.00	10	0.27	0.33
	CCG	3	0.08	0.10	2	0.05	0.07	78	2.10	2.56	0	0.00	0.00
	CCT	54	1.45	1.79	50	1.34	1.65	89	2.39	3.76	80	2.15	2.60
Ser (S)	AGA	81	2.18	3.63	81	2.18	3.60	1	0.03	0.03	82	2.20	3.67
	AGC	3	0.08	0.07	2	0.05	0.05	0	0.00	0.00	2	0.05	0.05
	AGG	0	0.00	0.00	1	0.03	0.04	23	0.62	0.61	0	0.00	0.00
	AGT	34	0.91	0.83	34	0.91	0.83	93	2.50	2.46	31	0.83	0.81
	TCA	99	2.66	2.41	100	2.69	2.43	5	0.13	0.13	88	2.36	2.30
	TCC	10	0.27	0.24	11	0.30	0.27	1	0.03	0.03	10	0.27	0.26
	TCG	2	0.05	0.05	0	0.00	0.00	104	2.80	2.75	1	0.03	0.03
	TCT	98	2.63	2.39	100	2.69	2.43	62	1.67	1.69	98	2.63	2.56
Thr (T)	ACA	91	2.44	2.43	92	2.47	2.50	6	0.16	0.16	60	1.61	1.58
	ACC	10	0.27	0.27	9	0.24	0.24	1	0.03	0.03	10	0.27	0.26
	ACG	2	0.05	0.05	2	0.05	0.05	78	2.10	2.12	1	0.03	0.03
	ACT	47	1.26	1.25	44	1.18	1.20	94	2.53	3.00	81	2.18	2.13
Trp (W)	TGG	90	2.42	3.00	7	0.19	1.00	2	0.05	1.00	5	0.13	1.00
	TGA	3	0.08	1.00	86	2.31	3.00	7	0.19	0.07	90	2.42	3.00
Tyr (Y)	TAC	11	0.30	0.12	12	0.32	0.13	188	5.06	1.93	16	0.43	0.16
	TAT	176	4.73	1.88	174	4.68	1.87	58	1.56	1.76	181	4.86	1.84
Val (V)	GTA	60	1.61	1.75	63	1.69	1.84	4	0.11	0.12	75	2.01	2.07
	GTC	1	0.03	0.03	1	0.03	0.03	3	0.08	0.09	2	0.05	0.06
	GTG	1	0.03	0.03	1	0.03	0.03	67	1.80	2.03	4	0.11	0.11
	GTT	75	2.02	2.19	72	1.94	2.10	0	0.00	0.00	64	1.72	1.77
Stop (*)	TAA	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00
	TAG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	50	1.34	1.65	0	0.00	0.00

aa	Codon	<i>P. bremeri</i>			<i>A. melete</i>			<i>C. raphaelis</i>			<i>O. lunifer</i>		
		n	%	RSCU	n	%	RSCU	n	%	RSCU	n	%	RSCU
Ala (A)	GCA	37	0.99	1.23	39	1.05	1.38	42	1.13	1.45	31	0.83	1.00
	GCC	5	0.13	0.17	2	0.05	0.07	2	0.05	0.07	14	0.37	0.45
	GCG	0	0.00	0.00	3	0.08	0.11	0	0.00	0.00	4	0.11	0.13
Arg (R)	GCT	78	2.09	2.60	69	1.86	2.44	72	1.94	2.48	75	2.00	2.42
	CGA	33	0.89	1.49	35	0.94	1.64	35	0.94	1.47	29	0.77	1.27
	CGC	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	2	0.05	0.08	2	0.05	0.09
	CGG	0	0.00	0.00	2	0.05	0.09	0	0.00	0.00	5	0.13	0.22
Asp (D)	CGT	20	0.54	0.90	17	0.46	0.80	16	0.43	0.67	18	0.48	0.79
	GAC	7	0.19	0.23	2	0.05	0.07	0	0.00	0.00	10	0.27	0.32
Asn (N)	AAC	15	0.40	0.11	22	0.59	0.18	9	0.24	0.07	53	1.42	1.68
	AAT	248	6.66	1.89	222	5.98	1.82	250	6.74	1.93	52	1.39	0.41
Cys (C)	TGC	1	0.03	0.06	2	0.05	0.13	5	0.13	0.31	201	5.37	1.59
	TGT	30	0.81	1.94	28	0.75	1.87	27	0.73	1.69	4	0.11	0.28
Glu (E)	GAA	68	1.83	1.81	70	1.88	1.84	73	1.97	1.97	25	0.67	1.72
	GAG	7	0.19	0.19	6	0.16	0.16	1	0.03	0.03	58	1.55	1.59
Gln (Q)	CAA	59	1.58	1.97	53	1.43	1.74	58	1.56	1.97	15	0.40	0.41
	CAG	1	0.03	0.03	8	0.22	0.26	1	0.03	0.03	63	1.68	1.91
Gly (G)	GGA	123	3.30	2.50	114	3.07	2.15	120	3.24	2.49	3	0.08	0.09
	GGC	2	0.05	0.04	1	0.03	0.02	0	0.00	0.00	101	2.70	1.97
	GGG	20	0.54	0.41	43	1.16	0.81	8	0.22	0.17	7	0.19	0.14
	GGT	52	1.40	1.06	54	1.45	1.02	65	1.75	1.35	39	1.04	0.76
His (H)	CAC	3	0.08	0.09	9	0.24	0.30	5	0.13	0.15	58	1.55	1.13
	CAT	67	1.80	1.91	51	1.37	1.70	63	1.70	1.85	22	0.59	0.69
Ile (I)	ATA	287	7.71	1.17	266	7.16	1.14	312	8.41	1.17	42	1.12	1.31
	ATC	20	0.54	0.08	33	0.89	0.14	13	0.35	0.05	241	6.44	1.06
	ATT	431	11.57	1.75	403	10.85	1.72	475	12.81	1.78	59	1.58	0.26
Leu (L)	TTA	497	13.35	5.38	430	11.57	4.90	494	13.32	5.53	379	10.12	1.67
	TTG	10	0.27	0.11	15	0.40	0.17	13	0.35	0.15	392	10.47	4.28
	CTA	19	0.51	0.21	27	0.73	0.31	6	0.16	0.07	51	1.36	0.56
	CTC	0	0.00	0.00	6	0.16	0.07	1	0.03	0.01	45	1.20	0.49
	CTG	0	0.00	0.00	1	0.03	0.01	0	0.00	0.00	10	0.27	0.11
	CTT	28	0.75	0.30	47	1.27	0.54	22	0.59	0.25	3	0.08	0.03
Lys (K)	AAA	97	2.60	1.90	119	3.20	1.82	102	2.75	1.92	48	1.28	0.52
	AAG	5	0.13	0.10	12	0.32	0.18	4	0.11	0.08	92	2.46	1.74
Met (M)	ATG	21	0.56	1.00	19	0.51	1.00	11	0.30	1.00	14	0.37	0.26
Phe (F)	TTC	28	0.75	0.15	32	0.86	0.16	17	0.46	0.09	51	1.36	1.00
	TTT	340	9.13	1.85	368	9.91	1.84	354	9.55	1.91	57	1.52	0.32
Pro (P)	CCA	35	0.94	1.16	55	1.48	1.72	48	1.29	1.66	302	8.06	1.68
	CCC	10	0.27	0.33	9	0.24	0.28	5	0.13	0.17	37	0.99	1.16
	CCG	1	0.03	0.03	2	0.05	0.06	0	0.00	0.00	28	0.75	0.88
	CCT	75	2.01	2.48	62	1.67	1.94	63	1.70	2.17	1	0.03	0.03
Ser (S)	AGA	80	2.15	3.61	73	1.97	3.42	90	2.43	3.78	62	1.66	1.94
	AGC	0	0.00	0.00	2	0.05	0.05	0	0.00	0.00	82	2.19	3.59
	AGG	0	0.00	0.00	1	0.03	0.05	0	0.00	0.00	4	0.11	0.10
	AGT	29	0.78	0.71	32	0.86	0.77	24	0.65	0.61	1	0.03	0.04
	TCA	95	2.55	2.34	79	2.13	1.90	116	3.13	2.92	33	0.88	0.81
	TCC	12	0.32	0.30	9	0.24	0.22	3	0.08	0.08	76	2.03	1.88
	TCG	1	0.03	0.02	2	0.05	0.05	0	0.00	0.00	23	0.61	0.57
Thr (T)	TCT	107	2.87	2.63	125	3.36	3.01	95	2.56	2.40	7	0.19	0.17
	ACA	51	1.37	1.35	73	1.97	1.77	60	1.62	1.74	100	2.67	2.47
	ACC	9	0.24	0.24	13	0.35	0.32	3	0.08	0.09	55	1.47	1.38
	ACG	1	0.03	0.03	1	0.03	0.02	0	0.00	0.00	19	0.51	0.48
	ACT	90	2.42	2.38	78	2.10	1.89	75	2.02	2.17	3	0.08	0.08
Trp (W)	TGA	93	2.50	3.00	86	2.31	3.00	94	2.54	3.00	82	2.19	2.06
	TGG	2	0.05	1.00	7	0.19	1.00	1	0.03	1.00	16	0.43	1.00
Tyr (Y)	TAC	7	0.19	0.07	23	0.62	0.26	8	0.22	0.09	83	2.22	3.00
	TAT	183	4.91	1.93	155	4.17	1.74	178	4.80	1.91	24	0.64	0.25
Val (V)	GTA	63	1.69	1.95	50	1.35	1.44	45	1.21	1.71	170	4.54	1.75
	GTC	4	0.11	0.12	4	0.11	0.12	0	0.00	0.00	68	1.82	1.66
	GTG	1	0.03	0.03	7	0.19	0.20	4	0.11	0.15	3	0.08	0.07
	GTT	61	1.64	1.89	78	2.10	2.24	56	1.51	2.13	12	0.32	0.29
Stop (*)	TAA	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	81	2.16	1.98
	TAG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00

aa	Codon	<i>O. furnacalis</i>			<i>O. nubilalis</i>		
		n	%	RSCU	n	%	RSCU
Ala (A)	GCA	47	1.26	1.48	46	1.24	1.45
	GCC	8	0.22	0.25	9	0.24	0.28
	GCG	1	0.03	0.03	2	0.05	0.06
	GCT	71	1.91	2.24	70	1.88	2.20
Arg (R)	CGA	33	0.89	1.40	33	0.89	1.40
	CGC	1	0.03	0.04	1	0.03	0.04
	CGG	3	0.08	0.13	3	0.08	0.13
Asp (D)	CGT	14	0.38	0.60	14	0.38	0.60
	GAC	4	0.11	0.13	4	0.11	0.13
Asn (N)	GAT	59	1.59	1.87	59	1.59	1.87
	AAC	22	0.59	0.17	24	0.65	0.19
Cys (C)	AAT	234	6.29	1.83	232	6.24	1.81
	TGC	1	0.03	0.06	2	0.05	0.13
Glu (E)	TGT	30	0.81	1.94	29	0.78	1.87
	GAA	62	1.67	1.72	65	1.75	1.78
Gln (Q)	GAG	10	0.27	0.28	8	0.22	0.22
	CAA	61	1.64	1.91	61	1.64	1.91
Gly (G)	CAG	3	0.08	0.09	3	0.08	0.09
	GGA	115	3.09	2.29	117	3.15	2.31
	GGC	5	0.13	0.10	1	0.03	0.02
	GGG	25	0.67	0.50	29	0.78	0.57
His (H)	GGT	56	1.51	1.11	56	1.51	1.10
	CAC	4	0.11	0.13	7	0.19	0.23
Ile (I)	CAT	58	1.56	1.87	55	1.48	1.77
	ATA	265	7.13	1.06	262	7.05	1.06
	ATC	28	0.75	0.11	28	0.75	0.11
Leu (L)	ATT	456	12.26	1.83	449	12.08	1.82
	TTA	454	12.21	5.18	459	12.35	5.24
	TTG	17	0.46	0.19	15	0.40	0.17
	CTA	32	0.86	0.37	32	0.86	0.37
	CTC	1	0.03	0.01	0	0.00	0.00
Lys (K)	CTG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00
	CTT	22	0.59	0.25	20	0.54	0.23
	AAA	94	2.53	1.84	92	2.47	1.82
	AAG	8	0.22	0.16	9	0.24	0.18
Met (M)	ATG	20	0.54	1.00	26	0.70	1.00
Phe (F)	TTC	28	0.75	0.15	31	0.83	0.16
	TTT	353	9.49	1.85	347	9.33	1.84
Pro (P)	CCA	52	1.40	1.72	55	1.48	1.77
	CCC	7	0.19	0.23	8	0.22	0.26
	CCG	2	0.05	0.07	1	0.03	0.03
	CCT	60	1.61	1.98	60	1.61	1.94
Ser (S)	AGA	89	2.39	3.79	90	2.42	3.83
	AGC	2	0.05	0.05	2	0.05	0.05
	AGG	1	0.03	0.04	0	0.00	0.00
	AGT	25	0.67	0.65	23	0.62	0.60
	TCA	94	2.53	2.45	94	2.53	2.46
	TCC	10	0.27	0.26	12	0.32	0.31
	TCG	4	0.11	0.10	5	0.13	0.13
Thr (T)	TCT	95	2.56	2.48	93	2.50	2.44
	ACA	75	2.02	1.91	71	1.91	1.81
	ACC	10	0.27	0.25	14	0.38	0.36
	ACG	0	0.00	0.00	1	0.03	0.03
Trp (W)	ACT	72	1.94	1.83	71	1.91	1.81
	TGA(W)	89	2.39	3.00	89	2.39	3.00
Tyr (Y)	TGG	5	0.13	1.00	5	0.13	1.00
	TAC	16	0.43	0.17	12	0.32	0.13
Val (V)	TAT	170	4.57	1.83	175	4.71	1.87
	GTA	62	1.67	1.84	58	1.56	1.69
	GTC	2	0.05	0.06	1	0.03	0.03
	GTG	1	0.03	0.03	6	0.16	0.18
Stop (*)	GTT	70	1.88	2.07	72	1.94	2.10
	TAA	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00
	TAG	0	0.00	0.00	0	0.00	0.00

A total of 3,737 codons for *A. honmai*; 3,732 codons for *A. pernyi*; 3,730 codons for *A. yamamai*; 3,734 codons for *C. boisduvalii*; 3,722 codons for *B. Mandarin*; 3,720 codons for *B. mori*; 3,718 codons for *M. sexta*; 3,724 codons for *P. atrilineata*; 3,724 codons for *P. bremeri*; 3,715 codons for *A. melete*; 3,708 codons for *C. raphaelis*; 3,745 codons for *O. lunifer*; 3,719 codons for *O. furnacalis*; and 3,718 codons for *O. nubilalis* were analyzed, excluding the termination codons. aa = amino acid; RSCU = relative synonymous codon usage; n = frequency of each codon.

**Sup. Table 3.** Stop codon of the lepidopteran mitogenomes sequenced in their entirety or near entirety

Taxon	ND2	COI	COII	ATP8	ATP6	COIII	ND3	ND5	ND4	ND4L	ND6	CytB	ND1
<i>Adoxophyes honmai</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Antheraea pernyi</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Antheraea yamamai</i>	TAA	TAA	T	TAA	TAA	TAA	TAG	T	TAG	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Caligula boisduvalii</i>	TAA	TAA	T	TAA	TA	TAA	T	TAA	TAA	TA	TAA	TAA	TAG
<i>Bombyx mandarina</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Bombyx mori</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Manduca sexta</i>	T	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Phthonandria atrilineata</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	T	T	TAG	TAA	TAA	TAA
<b><i>Parnassius bremeri</i></b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>T</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAA</b>	<b>TAG</b>
<i>Artogeia melete</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Coreana raphaelis</i>	TAA	T	T	TAA	TA	TAA	TAA	T	TA	TA	TA	T	TAA
<i>Ochrogaster lunifer</i>	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA	T	T	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>Ostrinia furnacalis</i>	TAA	TAA	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAG
<i>Ostrinia nubilalis</i>	TAA	TAA	T	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAG

\*The references for the lepidopteran species are cited in Table 2.