

S3 Table. Mitochondrial genome organization of *M. hapla*, *M. floridensis* and *M. incognita*.

Gene name	Range of identity (%) within the genus ^a	<i>M. hapla</i>			<i>M. floridensis</i>			<i>M. incognita</i>			Start/Stop codons						
		Gene length (in bp)	intergenic sequence ^b	%AT	Gene length (in bp)	intergenic sequence ^b	%AT	Gene length (in bp)	intergenic sequence ^b	%AT	<i>M. hapla</i>	<i>M. incognita</i>	<i>M. floridensis</i>	<i>M. incognita</i> [15]	<i>M. chitwoodi</i> [15]	<i>M. graminicola</i> [14]	<i>M. graminicola</i> [15]
<i>cox1</i>	81-99	1551	21	73.24	1557	-35	76.62	1557	-35	76.62	ATA/TAA	TTA/TAA	TTA/TAA	TTA/T	ATT/TAG	ATT	ATA/TAA
<i>trnT</i>	82-100	54	-1		55	-4		55	-4								
<i>12S rRNA</i>	78-99	616	-1	80.36	614	0	81.92	614	0	81.76							
<i>trnY</i>	81-100	54	2		53	15		53	15								
<i>tRNA-W</i>	77-100	53	-3		54	48		54	48								
<i>nad1</i>	72-99	861	-2	82.11	867	-15	83.51	867	-15	83.51	TTG/TAG	ATA/TAA	ATA/TAA	ATA/T	ATA/T	TTG/T	TTG/TAA
<i>trnL</i>	77-100	54	12		55	0		55	0								
<i>nad2</i>	67-99	nd	63	84.19	819	-15	89.87	819	-15	89.74	ATT/ND	ATT/TAA	ATT/TAA	ATT/T	ATT/TAA	ATT/TAA	ATA/TAA
<i>trnI</i>	78-100	55	35		54	4		54	4								
<i>cox3</i>	75-100	733	-5	80.51	762	-1	83.46	762	-1	83.46	GTT/TAA	ATA/TAA	ATA/TAA	ATA/TAA	ATT/T	TTG/TAA	TTG/TAA
<i>trnN</i>	78-100	55	-1		56	0		56	0								
<i>trnG</i>	85-100	53	-2		54	-2		54	-2								
<i>trnK</i>	83-100	55	-3		54	-4		54	-4								
<i>trnC</i>	85-100	51	-2		53	-4		53	-4								
<i>trnF</i>	87-100	54	3		54	-3		54	-3								
<i>nad6</i>	68-100	390	6	88.72	399	0	92.98	398	0	92.35	TTG/TAA	TTA/TAA	TTA/TAA	TTA/TAA	TTA/TAG	ATT/TAG	ATT/TAG
<i>nad4L</i>	68-99	228	-29	88.60	237	1	88.19	237	1	88.61	ATA/TAA	ATT/TAA	ATT/TAA	ATT/TAA	TTA/TAA	ATA/TAA	ATT/TAA
<i>cox2</i>	76-99	675	-2	78.97	693	535	80.84	693	1063	81.10	ATT/TAA	TTA/TAG	TTA/TAG	TTA/TAG	ATT/T	ATT/TAA	ATT/TAA
<i>trn-H</i>	79-100	55	0		54	-2		54	0								
<i>16S rRNA</i>	76-99	807	6	86.62	805	0	86.89	805	0	87.24							
<i>nad3</i>	70-100	306	16	89.22	315	17	88.89	315	17	88.89	ATT/TAG	TTA/TAG	TTA/TAG	TTA/TAG	ATT/TAG	TTG/TAG	ATT/TAG
<i>cob</i>	76-99	1029	4	80.56	1041	-15	82.61	1041	-15	82.52	ATG/TAA	ATA/TAA	ATA/TAA	ATA/T	TTA/TAA	ATA/TAG	ATA/TAG
<i>trnL</i>	77-100	56	-3		56	-3		56	-3								
<i>trnP</i>	84-100	54	18		54	-3		54	122								
<i>nad4</i>	76-99	1005	144	83.18	1173	3	84.74	1047	3	83.86	ATA/TAG	ATA/TAA	ATT/TAA	ATT/TAA	ATT/TAA	ATA/TAG	ATA/TAG
<i>trnD</i>	80-100	55	> 4596		54	>2774		54	4420-5910								
<i>trnM</i>	80-100	54	-1		54	3		54	3								
<i>trnS</i>	61-100	49	290		49	7		49	7								
<i>atp6</i>	66-99	561	6	84.31	552	3	88.04	552	3	88.04	ATG/TAG	ATA/TAA	ATA/TAA	ATA/TAA	ATT/TAA	ATT/TAA	TTT/TAA
<i>nad5</i>	67-99	1500	-15	83.67	1503	-15	84.96	1500	-15	84	ATA/TAA	TTA/TAA	TTA/TAA	TTA/T	TTA/TAA	ATA/TAA	ATA/TAA
<i>trnQ</i>	87-98	54	-3		54	0		54	0								
<i>trnA</i>	85-100	59	-8		53	0		53	0								
<i>trnR</i>	84-100	55	-5		55	-12		55	-12								
<i>trnV</i>	47-100	54	-3		55	-4		55	-4								
<i>trnE</i>	73-98	54	0		54	-1		54	-1								
<i>trnS</i>	77-98	49	74		49	19		49	19								

^aRange of identity (%) among *M. floridensis*, *M. hapla*, *M. incognita*, *M. chitwoodi* and *M. graminicola*.^bPositive and negative values indicate gap nucleotides and overlapping nucleotides between two adjacent genes, respectively.