

Table S1. Highly variable coding regions in *Euonymus maackii* and *Euonymus*.

	<i>Euonymus maackii</i>	Genetic diversity (π)	<i>Euonymus</i>	Genetic diversity (π)
1	<i>trnV-UAC</i>	0.02703	<i>ycf1</i>	0.02074
2	<i>petN</i>	0.01111	<i>accD</i>	0.01727
3	<i>psaI</i>	0.00877	<i>rpl33</i>	0.01702
4	<i>ycf1</i>	0.00847	<i>trnP-UGG</i>	0.01673
5	<i>psaJ</i>	0.00741	<i>rps3</i>	0.01464
6	<i>rpsL5</i>	0.00717	<i>rpl22</i>	0.01443
7	<i>rps2</i>	0.00703	<i>rpl16</i>	0.01403
8	<i>rpoC1</i>	0.00690	<i>trnV-UAC</i>	0.01287
9	<i>ndhE</i>	0.00654	<i>psbT</i>	0.01254
10	<i>ycf3</i>	0.00654	<i>petG</i>	0.01253

Table S2. Highly variable noncoding regions in *Euonymus maackii* and *Euonymus*.

	<i>Euonymus maackii</i>	Genetic diversity (π)	<i>Euonymus</i>	Genetic diversity (π)
1	<i>ycf1-ndhF</i>	0.14286	<i>rpl22-rps19</i>	0.07804
2	<i>trnM-CAU-atpE</i>	0.09375	<i>trnM-CAU-atpE</i>	0.073
3	<i>rpl2-rpl23</i>	0.05	<i>trnH-GUG-psbA</i>	0.05438
4	<i>psbZ-trnG-GCC</i>	0.03571	<i>InfA-rps8</i>	0.04494
5	<i>trnY-GUA-trnE-UUC</i>	0.03030	<i>ccsA-ndhD</i>	0.03953
6	<i>trnW-CCA-trnP-UGG</i>	0.02959	<i>trnG-UCC-trnR-UCU</i>	0.03752
7	<i>rps16-trnQ-UUG</i>	0.02809	<i>trnP-UGG-psaJ</i>	0.03534
8	<i>psbC-trnS-UGA</i>	0.02789	<i>trnS-GCU-trnG-UCC</i>	0.03481
9	<i>ccsA-ndhD</i>	0.02724	<i>rps12-clpP</i>	0.03463
10	<i>trnD-GUC-trnY-GUA</i>	0.02517	<i>trnW-CCA-trnP-UGG</i>	0.03409
11	<i>trnH-GUG-psbA</i>	0.02510	<i>rps11-rpl36</i>	0.03262
12	<i>ndhC-trnV-UAC</i>	0.02353	<i>psbZ-trnG-GCC</i>	0.03259
13	<i>trnV-UAC-trnM-CAU</i>	0.02222	<i>psaI-ycf4</i>	0.02996
14	<i>ndhF-rpl32</i>	0.02108	<i>trnY-GUA-trnE-UUC</i>	0.02886
15	<i>rpl32-trnL-UAG</i>	0.01972	<i>ndhC-trnV-UAC</i>	0.02859