

Supplementary Information

Table S1. Genes found in the plastid genome of *Pulsatilla*.

Type of Gene	Gene Names
Acetyl-CoA carboxylase	<i>accD</i> ^a
ATP synthase subunits	<i>atpA</i> ^a , <i>atpB</i> ^a , <i>atpE</i> ^a , <i>atpF</i> ^a , <i>atpH</i> ^a , <i>atpI</i> ^a
Cytochrome B/F complex subunit	<i>petA</i> ^a , <i>petB</i> ^a , <i>petD</i> ^a , <i>petG</i> ^a , <i>petL</i> ^a , <i>petN</i> ^a
Cytochrome C protein	<i>ccsA</i> ^a
Envelope membrane protein	<i>cemA</i> ^a
Maturase K	<i>matK</i> ^a
NADH-dehydrogenase subunits	<i>ndhA</i> ^a , <i>ndhB</i> ^c , <i>ndhC</i> ^a , <i>ndhD</i> ^a , <i>ndhE</i> ^a , <i>ndhF</i> ^a , <i>ndhG</i> ^a , <i>ndhH</i> ^a , <i>ndhI</i> ^a , <i>ndhJ</i> ^a , <i>ndhK</i> ^a
Photosystem I subunits	<i>psaA</i> ^a , <i>psaB</i> ^a , <i>psaC</i> ^a , <i>psaI</i> ^a , <i>psaJ</i> ^a
Photosystem II subunits	<i>psbA</i> ^{a,d} , <i>psbB</i> ^a , <i>psbC</i> ^a , <i>psbD</i> ^a , <i>psbE</i> ^a , <i>psbF</i> ^a , <i>psbH</i> ^a , <i>psbI</i> ^a , <i>psbJ</i> ^a , <i>psbK</i> ^a , <i>psbL</i> ^a , <i>psbM</i> ^a , <i>psbN</i> ^a , <i>psbT</i> ^a , <i>psbZ</i> ^a
Ribosomal RNAs	<i>rrn16</i> ^c , <i>rrn23</i> ^c , <i>rrn4.5</i> ^c , <i>rrn5</i> ^c
RNA polymerase subunits	<i>rpoA</i> ^a , <i>rpoB</i> ^a , <i>rpoC1</i> ^a , <i>rpoC2</i> ^a
Rubisco large subunits	<i>rbcL</i> ^a
Small ribosomal protein units	<i>rps2</i> ^a , <i>rps3</i> ^c , <i>rps4</i> ^a , <i>rps7</i> ^c , <i>rps8</i> ^c , <i>rps11</i> ^a , <i>rps14</i> ^a , <i>rps15</i> ^a , <i>rps16</i> ^a , <i>rps18</i> ^a , <i>rps19</i> ^c
Large ribosomal protein units	<i>rpl2</i> ^c , <i>rpl14</i> ^c , <i>rpl16</i> ^c , <i>rpl20</i> ^a , <i>rpl22</i> ^c , <i>rpl23</i> ^c , <i>rpl33</i> ^a , <i>rpl36</i> ^a
Hypothetical genes	<i>yef1</i> ^{cd} , <i>yef2</i> ^c , <i>yef3</i> ^a , <i>yef4</i> ^a
Transfer RNAs	<i>trnA</i> -UGC ^c , <i>trnC</i> -GCA ^a , <i>trnD</i> -GUC ^a , <i>trnE</i> -UUC ^a , <i>trnF</i> -GAA ^a , <i>trnG</i> -GCC ^a , <i>trnG</i> -UUC ^a , <i>trnH</i> -GUG ^c , <i>trnI</i> -CAU ^c , <i>trnI</i> -GAU ^c , <i>trnK</i> -UUU ^a , <i>trnL</i> -CAA ^c , <i>trnL</i> -UAA ^a , <i>trnL</i> -UAG ^a , <i>trnMf</i> -CAU ^a , <i>trnN</i> -GUU ^c , <i>trnP</i> -GGG ^a , <i>trnP</i> -UGG ^a , <i>trnQ</i> -UUG ^a , <i>trnR</i> -ACG ^c , <i>trnR</i> -UCU ^a , <i>trnS</i> -GCU ^a , <i>trnS</i> -GGA ^a , <i>trnS</i> -UGA ^a , <i>trnT</i> -GGU ^a , <i>trnV</i> -GAC ^c , <i>trnV</i> -UAC ^a , <i>trnW</i> -CCA ^a , <i>trnY</i> -GUA ^a
Other genes (translational initiation factor A and photosystem II protein Z, respectively)	<i>clpP</i> ^a , <i>infA</i> ^{a,b} , <i>lhbA</i> ^a

^a Genes located in single-copy regions (SC); ^b Pseudogene; ^c Gene located in the inverted repeats (IR); ^d Two copies, one functional and one pseudogene.

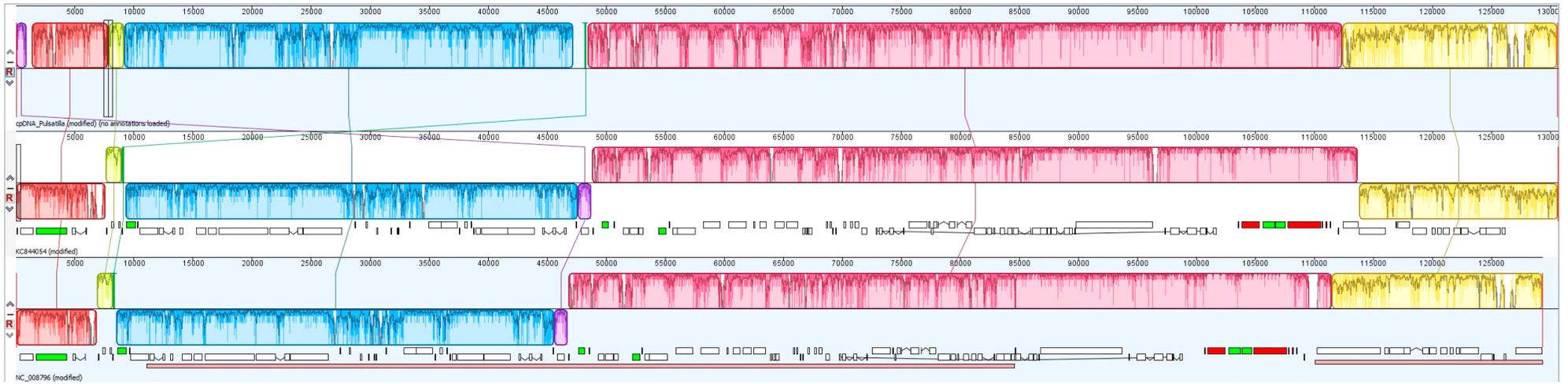


Figure S1. Mauve alignment of the three Ranunculaceae genomes. Each of locally collinear blocks is coded in different color.