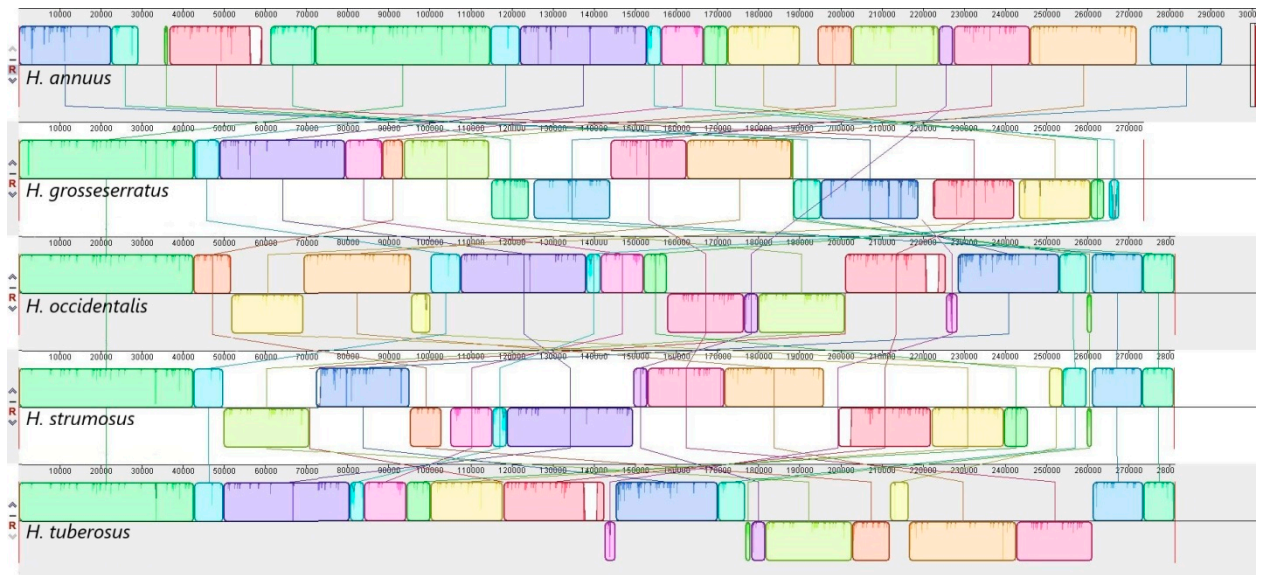


**Table S1.** Species specific SNP identified in *H. occidentalis* and *H. tuberosus* mitogenomes

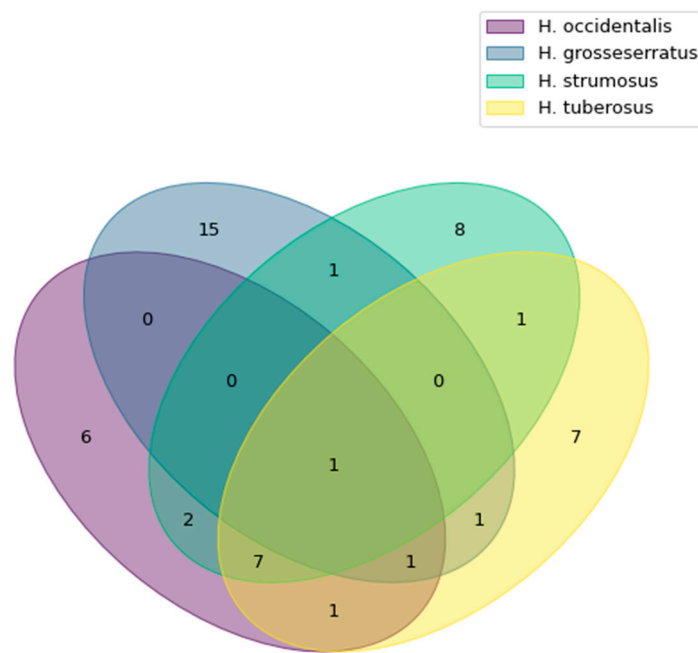
Position in <i>H. occidentalis</i> mitogenome	<i>H. occidentalis</i>	<i>H. tuberosus</i>	<i>H.</i> <i>grosseserratus</i>	<i>H. strumosus</i>
48227	T	G	G	G
110132	T	G	G	G
145262	C	A	A	A
150145	C	G	G	G
150364	C	G	G	G
150571	T	G	G	G
173171	C	A	A	A
181893	T	G	G	G
199009	C	A	A	A
231470	T	G	G	G
240885	C	A	A	A
266122	C	A	A	A
Position in <i>H. tuberosus</i> mitogenome	<i>H. tuberosus</i>	<i>H. occidentalis</i>	<i>H.</i> <i>grosseserratus</i>	<i>H. strumosus</i>
73577	T	G	G	G
92760	G	T	T	T
147829	G	T	T	T
153674	C	A	A	A
231384	T	G	G	G
257468	T	G	G	G

**Table S2.** SSR motif length distribution table. “x” – lower than threshold, “-” – not found.

H. occidentalis / H. tuberosus / H. strumosus / H. grosseserratus		Length of SSR							Total
Motifs	<5	5-7	8-10	11-15	16-30	31-40	>40		
T	x	x	1/1/1/0	1/1/2/1	-	1/0/0/1	0/1/0/1	3/3/3/3	
A	x	x	1/1/2/1	0/2/1/1	-	-	0/0/0/1	1/3/3/3	
G	x	x	2/1/1/2	0/0/1/0	-	-	-	2/1/2/2	
C	x	x	0/0/0/1	-	-	-	-	0/0/0/1	
TC	x	1/1/0/0	1/0/0/0	-	-	-	-	2/1/0/0	
TA	x	2/2/2/3	-	-	-	-	-	2/2/2/3	
AG	x	1/2/0/0	0/1/1/0	-	-	-	-	1/3/1/0	
AT	x	1/1/1/1	-	-	-	-	-	1/1/1/1	
CT	x	1/0/2/2	-	-	-	-	-	1/0/2/2	
GA	x	0/0/1/1	-	-	-	-	-	0/0/1/1	
ATT	x	1/1/0/0	-	-	-	-	-	1/1/0/0	
GGTT	1/1/1/0	-	-	-	-	-	-	1/1/1/0	
GAAA	1/1/0/1	-	-	-	-	-	-	1/1/0/1	
TTAC	1/0/0/0	-	-	-	-	-	-	1/0/0/0	
CTTA	0/1/0/0	-	-	-	-	-	-	0/1/0/0	
GTAA	0/0/2/0	-	-	-	-	-	-	0/0/2/0	
TTTC	0/0/1/0	-	-	-	-	-	-	0/0/1/0	
AAAT	0/0/0/1	-	-	-	-	-	-	0/0/0/1	
AACC	0/0/0/1	-	-	-	-	-	-	0/0/0/1	
AAAGA	1/1/1/0	-	-	-	-	-	-	1/1/1/0	



**Figure S1.** The progressive MAUVE alignment of complete mitogenomes between annual (*H. annuus*) and perennial (*H. grosseserratus*, *H. occidentalis*, *H. strumosus*, *H. tuberosus*) sunflower species



**Figure S2.** Venn diagram of SSRs comparison between species.