

Table S1. List of genes annotated in the studied plastid genomes of 37 species of Asteraceae and Calyceraceae.

Gene family	Gene
Transfer RNA	<i>trnA</i> -UGC, <i>trnC</i> -GCA, <i>trnD</i> -GUC, <i>trnE</i> -UUC, <i>trnF</i> -GAA, <i>trnG</i> -CAU, <i>trnG</i> -GCC, <i>trnG</i> -UCC, <i>trnH</i> -GUG, <i>trnI</i> -CAU, <i>trnI</i> -GAU, <i>trnK</i> -UUU, <i>trnL</i> -CAA, <i>trnL</i> -UAA, <i>trnL</i> -UAG, <i>trnM</i> -CAU, <i>trnN</i> -GUU, <i>trnP</i> -UGG, <i>trnQ</i> -UGG, <i>trnR</i> -ACG, <i>trnR</i> -UCU, <i>trnS</i> -GCU, <i>trnS</i> -GGA, <i>trnS</i> -UGA, <i>trnT</i> -GGU, <i>trnT</i> -UGU, <i>trnV</i> -GAC, <i>trnV</i> -UAC, <i>trnW</i> -CCA, <i>trnY</i> -GUA
Small ribosomal units	<i>rps2</i> , <i>rps3</i> , <i>rps4</i> , <i>rps7</i> , <i>rps8</i> , <i>rps11</i> , <i>rps12</i> , <i>rps14</i> , <i>rps15</i> , <i>rps16</i> , <i>rps18</i> , <i>rps19</i>
Large ribosomal units	<i>rpl2</i> , <i>rpl14</i> , <i>rpl16</i> , <i>rpl20</i> , <i>rpl22</i> , <i>rpl23</i> , <i>rpl32</i> , <i>rpl33</i> , <i>rpl36</i>
RNA polymerase sub-units	<i>rpoA</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i> , <i>rpoC2</i>
Translation initiation facto	<i>infA</i>
NADH dehydrogenase	<i>ndhA</i> , <i>ndhB</i> , <i>ndhC</i> , <i>ndhD</i> , <i>ndhE</i> , <i>ndhF</i> , <i>ndhG</i> , <i>ndhH</i> , <i>ndhI</i> , <i>ndhJ</i> , <i>ndhK</i>
Photosystem I	<i>psbA</i> , <i>psaA</i> , <i>psaB</i> , <i>psaC</i> , <i>psaI</i> , <i>psaJ</i> , <i>ycf3</i> , <i>ycf4</i>
Photosystem II	<i>psbA</i> , <i>psbB</i> , <i>psbC</i> , <i>psbD</i> , <i>psbE</i> , <i>psbF</i> , <i>psbH</i> , <i>psbI</i> , <i>psbJ</i> , <i>psbK</i> , <i>psbL</i> , <i>psbM</i> , <i>psbT</i> , <i>psbZ</i>
Cytochrome b/f complex	<i>petA</i> , <i>petB</i> , <i>petD</i> , <i>petG</i> , <i>petL</i> , <i>petN</i>
ATP synthase	<i>atpA</i> , <i>atpB</i> , <i>atpE</i> , <i>atpF</i> , <i>atpH</i> , <i>atpI</i> , <i>ycf2</i>
Large subunit of rubisco	<i>rbcL</i>
Maturase	<i>matK</i>
Protease	<i>clpP</i>
Acetyl-CoA-carboxylase sub-unit	<i>accD</i>
Envelope membrane protein	<i>cemA</i>
Component of TIC complex	<i>Ycf1</i>
c-Type cytochrome synthesis	<i>ccsA</i>
Uncharacterized protein	<i>ycf15</i>
Ribosomal RNA	<i>rrn4.5</i> , <i>rrn5</i> , <i>rrn16</i> , <i>rrn23</i>

Table S2. Models used for phylogenetic analyses.

Inference Method	Coding regions (CDS)			tRNA	rRNA
	Codon 1	Codon 2	Codon 3		
Maximum Likelihood	GTR + γ	GTR + γ	GTR + γ	GTR + γ	GTR + γ
Bayesian Inference	GTR + inv γ	GTR + inv γ	GTR + inv γ	GTR + inv γ	K80 + inv γ