

Table S1. GenBank accession numbers of dicots with complete plastome sequences used for RELAX analyses.

GenBank acc.	Taxon
NC_008796*	<i>Ranunculus macranthus</i>
NC_009599*	<i>Buxus microphylla</i>
NC_026839	<i>Lonicera japonica</i>
NC_024663*	<i>Camellia reticulata</i>
NC_023790*	<i>Vitis rotundifolia</i>
NC_023112	<i>Helianthus tuberosus</i>
NC_023092*	<i>Liquidambra formosana</i>
NC_022810	<i>Aralia undulata</i>
NC_020098	<i>Tectona grandis</i>
NC_016068*	<i>Nicotiana undulata</i>
NC_010776	<i>Fagopyrum esculentum</i>
NC_008535*	<i>Coffea arabica</i>
NC_008359*	<i>Morus indica</i>
NC_008115*	<i>Eucalyptus globulus</i>

*) Sequences used for RELAX analyses of inverted repeat genes.

Table S2. Length in base pairs (bp) of intergenic regions shared by *Vitis* and four species of Santalales.

	<i>Vitis</i>	<i>Osyris</i>	<i>V. album</i>	<i>V. minimum</i>	<i>V. crassulae</i>
<i>trnH-psbA</i>	334	324	211	227	211
<i>psbA-trnK</i>	249	238	183	207	195
<i>trnQ-psbK</i>	346	354	245	211	248
<i>psbK-psbI</i>	406	382	372	408	404
<i>psbI-trnS</i>	142	139	92	95	110
<i>trnR-atpA</i>	198	173	220	226	164
<i>atpA-atpF</i>	65	51	76	80	74
<i>atpF-atpH</i>	493	163	368	307	129
<i>atpH-atpI</i>	895	1075	624	614	587
<i>atpI-rps2</i>	213	189	159	155	139
<i>rps2-rpoC2</i>	218	170	244	243	209
<i>rpoC2-rpoC1</i>	165	177	191	179	183
<i>rpoC1-rpoB</i>	31	26	26	26	26
<i>rpoB-trnC</i>	1084	836	454	445	467
<i>trnC-petN</i>	847	855	720	878	845
<i>petN-psbM</i>	1233	1146	412	419	423
<i>psbM-trnD</i>	1113	1170	409	501	404
<i>trnD-trnY</i>	445	426	459	414	401
<i>trnY-trnE</i>	54	59	64	62	68
<i>trnE-trnT</i>	921	802	524	601	582
<i>psbC-trnS</i>	246	226	228	233	228
<i>trnS-psbZ</i>	362	322	433	386	406
<i>psbZ-trnG</i>	627	232	213	229	216
<i>trnG-trnfM</i>	147	175	141	183	170
<i>trnfM-rps14</i>	167	148	147	147	141
<i>rps14-psaB</i>	131	141	136	134	138
<i>psaB-psaA</i>	25	25	47	52	32
<i>psaA-ycf3</i>	737	616	645	451	403
<i>ycf3-trnS</i>	678	981	499	545	486
<i>trnS-rps4</i>	272	302	324	310	322
<i>rps4-trnT</i>	301	376	188	172	196

<i>trnT-trnL</i>	975	479	570	637	562
<i>trnL-trnF</i>	321	376	268	332	309
<i>trnM-atpE</i>	235	213	278	273	267
<i>atpB-rbcL</i>	779	695	664	625	636
<i>rbcL-accD</i>	610	607	558	611	485
<i>accD-psaI</i>	760	682	180	159	175
<i>psaI-ycf4</i>	424	402	144	153	164
<i>ycf4-cemA</i>	858	715	494	450	364
<i>cemA-petA</i>	227	211	190	187	173
<i>petA-psbJ</i>	1074	514	389	402	374
<i>psbJ-psbL</i>	149	132	132	136	128
<i>psbF-psbE</i>	9	9	11	17	11
<i>psbE-petL</i>	1304	1241	861	883	769
<i>petL-petG</i>	179	167	167	162	162
<i>petG-trnW</i>	130	113	115	129	109
<i>trnW-trnP</i>	167	185	231	176	164
<i>trnP-psaJ</i>	383	377	367	351	304
<i>rps18-rpl20</i>	289	248	231	265	251
<i>rpl20-rps12</i>	789	777	800	793	759
<i>rps12-clpP</i>	142	130	145	163	154
<i>clpP-psbB</i>	443	417	1515	1538	514
<i>psbB-psbT</i>	187	185	175	180	186
<i>psbT-psbN</i>	52	65	52	66	74
<i>psbN-psbH</i>	84	84	100	103	95
<i>psbH-petB</i>	118	123	136	142	142
<i>petB-petD</i>	188	190	169	181	202
<i>petD-rpoA</i>	208	191	179	240	195
<i>rpoA-rps11</i>	80	65	66	69	59
<i>rps11-rpl36</i>	115	129	188	131	152
<i>rps8-rpl14</i>	169	142	136	132	136
<i>rpl14-rpl16</i>	125	121	105	138	132
<i>rpl16-rps3</i>	170	164	290	204	205
<i>rps19-rpl2</i>	69	111	55	115	55
<i>rpl2-rpl23</i>	18	18	13	13	13

<i>rpl23-trnM</i>	165	165	180	166	166
<i>trnM-ycf2</i>	88	88	88	88	67
<i>ycf2-trnL</i>	1007	1032	433	441	441
<i>rps7-rps12</i>	53	59	57	59	60
<i>rps12-trnV</i>	1717	1822	1782	1817	1309
<i>trnV-16S</i>	219	227	222	220	230
<i>16S-trnI</i>	300	300	321	316	307
<i>trnI-trnA</i>	63	64	62	61	62
<i>trnA-23S</i>	157	161	148	148	144
<i>23S-4.5S</i>	107	99	106	106	99
<i>4.5S-5S</i>	216	224	215	237	217
<i>trnR-trnN</i>	602	543	592	571	505
<i>rpl32-trnL</i>	1158	787	347	401	437
<i>rps15-ycf1</i>	302	391	133	124	123
<i>ycf1-trnN</i>	321	308	251	274	236
TOTAL	31,450	28,847	23,965	24,325	21,490
Reduction		8%	24%	23%	32%

Table S3. Gene content of plastomes of four species of Santalales. X = gene present and considered functional; ψ = pseudogene or fragment of gene present; – = gene not present.

	<i>Osyris</i>	<i>V. album</i>	<i>V. crassulae</i>	<i>V. minimum</i>
<u>Protein coding genes</u>				
<i>psaA</i>	X	X	X	X
<i>psaB</i>	X	X	X	X
<i>psaC</i>	X	X	X	X
<i>psaI</i>	X	X	X	X
<i>psaJ</i>	X	X	X	X
<i>ycf3</i>	X	X	X	X
<i>ycf4</i>	X	X	X	X
<i>psbA</i>	X	X	X	X
<i>psbB</i>	X	X	X	X
<i>psbC</i>	X	X	X	X
<i>psbD</i>	X	X	X	X
<i>psbE</i>	X	X	X	X
<i>psbF</i>	X	X	X	X
<i>psbH</i>	X	X	X	X
<i>psbI</i>	X	X	X	X
<i>psbJ</i>	X	X	X	X
<i>psbK</i>	X	X	X	X
<i>psbL</i>	X	X	X	X
<i>psbM</i>	X	X	X	X
<i>psbN</i>	X	X	X	X
<i>psbT</i>	X	X	X	X
<i>psbZ</i>	X	X	X	X
<i>petA</i>	X	X	X	X
<i>petB</i>	X	X	X	X
<i>petD</i>	X	X	X	X
<i>petG</i>	X	X	X	X
<i>petL</i>	X	X	X	X
<i>petN</i>	X	X	X	X
<i>ndhA</i>	ψ	–	–	–
<i>ndhB</i>	ψ	ψ	ψ	ψ
<i>ndhC</i>	ψ	–	–	–
<i>ndhD</i>	ψ	–	–	–
<i>ndhE</i>	ψ	–	–	–
<i>ndhF</i>	–	–	–	–
<i>ndhG</i>	ψ	–	–	–
<i>ndhH</i>	ψ	–	–	–
<i>ndhI</i>	–	–	–	–
<i>ndhJ</i>	–	–	–	–
<i>ndhK</i>	ψ	–	–	–
<i>rbcL</i>	X	X	X	X
<i>atpA</i>	X	X	X	X

<i>atpB</i>	X	X	X	X
<i>atpE</i>	X	X	X	X
<i>atpF</i>	X	X	X	X
<i>atpH</i>	X	X	X	X
<i>atpI</i>	X	X	X	X
<i>rpoA</i>	X	X	X	X
<i>rpoB</i>	X	X	X	X
<i>rpoC1</i>	X	X	X	X
<i>rpoC2</i>	X	X	X	X
<i>matK</i>	X	ψ	X	X
<i>rps2</i>	X	X	X	X
<i>rps3</i>	X	X	X	X
<i>rps4</i>	X	X	X	X
<i>rps7</i>	X	X	X	X
<i>rps8</i>	X	X	X	X
<i>rps11</i>	X	X	X	X
<i>rps12</i>	X	X	X	X
<i>rps14</i>	X	X	X	X
<i>rps15</i>	X	X	X	X
<i>rps16</i>	X	X	X	X
<i>rps18</i>	X	X	X	X
<i>rps19</i>	X	X	X	X
<i>rpl2</i>	X	X	X	X
<i>rpl14</i>	X	X	X	X
<i>rpl16</i>	X	X	X	X
<i>rpl20</i>	X	X	X	X
<i>rpl22</i>	X	X	X	X
<i>rpl23</i>	X	X	X	X
<i>rpl32</i>	X	X	X	X
<i>rpl33</i>	X	–	–	–
<i>rpl36</i>	X	X	X	X
<i>infA</i>	ψ	–	–	–
<i>clpP</i>	X	X	X	X
<i>accD</i>	X	X	X	X
<i>ccsA</i>	X	ψ	X	X
<i>cemA</i>	X	X	X	X
<i>ycf1</i>	X	X	X	X
<i>ycf2</i>	X	X	X	X

Ribosomal genes

<i>rrn16</i>	X	X	X	X
<i>rrn23</i>	X	X	X	X

<i>rrn5</i>	X	X	X	X
<i>rrn4.5</i>	X	X	X	X

tRNA genes

<i>trnA-UGC</i>	X	X	X	X
<i>trnC-GCA</i>	X	X	X	X
<i>trnD-GUC</i>	X	X	X	X
<i>trnE-UUC</i>	X	X	X	X
<i>trnF-GAA</i>	X	X	X	X
<i>trnG-GCC</i>	X	X	X	X
<i>trnG-UCC</i>	X	-	-	X
<i>trnH-GUG</i>	X	X	X	X
<i>trnI-CAU</i>	X	X	X	X
<i>trnI-GAU</i>	X	X	X	X
<i>trnK-UUU</i>	X	X	X	X
<i>trnL-CAA</i>	X	X	X	X
<i>trnL-UAA</i>	X	X	X	X
<i>trnL-UAG</i>	X	X	X	X
<i>trnM-CAU</i>	X	X	X	X
<i>trnfM-CAU</i>	X	X	X	X
<i>trnN-GUU</i>	X	X	X	X
<i>trnP-UGG</i>	X	X	X	X
<i>trnQ-UUG</i>	X	X	X	X
<i>trnR-ACG</i>	X	X	X	X
<i>trnR-UCU</i>	X	X	X	X
<i>trnS-GCU</i>	X	X	X	X
<i>trnS-GGA</i>	X	X	X	X
<i>trnS-UGA</i>	X	X	X	X
<i>trnT-GGU</i>	X	X	X	X
<i>trnT-UGU</i>	X	X	X	X
<i>trnV-GAC</i>	X	X	X	X
<i>trnV-UAC</i>	X	-	-	-
<i>trnW-CCA</i>	X	X	X	X
<i>trnY-GUA</i>	X	X	X	X