

1
2
3
4
5
6
7
8
9

SUPPLEMENTAL DATA

Supplemental Tables

Table S1. Gene content of plastid genomes of *Polytoma uvella* and diverse photosynthetic algae of the Order Chlamydomonadales

	<i>Pu</i>	<i>Cr</i>	<i>Cl</i>	<i>Ca</i>	<i>Ds</i>	<i>Og</i>	<i>Ch</i>	<i>HI</i>	<i>PI</i>	<i>Ep</i>
Size kb	234	□□□	167	203	269	254	197	263	203	145
Gene										
Photosystem II										
<i>psbA</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<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>psbN</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psbTc</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psbZ</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psb30</i>		■	■							
Cytochrome <i>b6f</i>										
<i>petA</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>petB</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>petD</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>petG</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>petL</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
Photosystem I										
<i>psaA</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psaA</i>								■		
<i>psaB</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psaC</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psaI</i>										■
<i>psaJ</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>psaM</i>										■
ATP synthase										
<i>atpA</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>atpB</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>atpB</i>					■					
<i>atpE</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>atpF</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>atpH</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>atpI</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
Rubisco										
<i>rbcl</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
Chlorophyll biosynthesis										
<i>chlB</i>		■	■	■	■	■	■		■	■

chlI										■
chlL		■	■	■	■	■	■		■	■
chlL					■					
chlN		■	■	■	■	■	■		■	■

Miscellaneous proteins

cemA		■	■	■	■	■	■	■	■	■
clpP	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
ccsA		■	■	■	■	■	■	■	■	■
ftsH	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
mind										■
accD										■

Conserved proteins

ycf1	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
ycf3		■	■	■	■	■	■	■	■	■
ycf4		■	■	■	■	■	■	■	■	■
ycf12		■	■	■	■	■	■	■	■	■
ycf62										■
ycf20										■

Ribosomal Proteins

Large subunit

rpl12										■
rpl14	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpl16	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpl19										■
rpl2	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpl20	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpl23		■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpl32				■			■	■	■	■
rpl36	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpl5	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■

Small subunit

rps2		■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps2		■								
rps3	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps4	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps7	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps7					■					
rps8	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps9	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps11	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps12	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps14	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps18	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rps19	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■

Transcription

RNA polymerase

rpoA	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpoB1	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpoB2	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
rpoC1A		■								
rpoC1B		■								
rpoC1	■		■	■	■	■	■	■	■	■
rpoC2	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■

	<i>Pu</i>	<i>Cr</i>	<i>Cl</i>	<i>Ca</i>	<i>Ds</i>	<i>Og</i>	<i>Ch</i>	<i>HI</i>	<i>PI</i>	<i>Ep</i>
Translation										
tufA	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
infA										■
Ribosomal RNAs										
<i>rrnF</i>		■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>rrnL</i>	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
<i>rrnS</i>	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Transfer RNAs										
trnA (UGC)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnA (UGC)		■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnC (GCA)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnD (GUC)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnE (UUC)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnE (UUC)		■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnF (GAA)		■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnG (GCC)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnG (UCC)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnH (GUG)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnI (GAU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnI (GAU)		■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnI (GAU)					■					
trnI (CAU)						■	■	■	■	■
trnK (UUU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnK (UUU)	■									
trnL(CAA)			■		■	■				■
trnL(CAA)			■		■	■				
trnL (UAA)	■	■		■		■	■	■	■	■
trnL (UAG)		■		■		■	■	■	■	■
trnM (CAU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnM (CAU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnM (CAU)	■	■			■					
trnN (GUU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnP (UGG)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnQ (UUG)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnQ (UUG)	■									
trnR (ACG)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnR (AGA)		■	■		■					
trnR(UCG)	■					■				
trnR(CCG)										■
trnR(CCU)								■		
trnR(UCU)	■			■		■	■	■	■	■
trnS (GCU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnS(GGA)			■		■	■		■		■
trnS (UGA)	■	■		■		■	■	■	■	■
trnT (UGU)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnT(GGU)										■
trnV (UAC)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnW (CCA)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
trnY (GUA)	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■

10
11 *Pu*, *Polytoma uvella*; *Cr*, *Chlamydomonas reinhardtii*; *Cl*, *Chlamydomonas leiostraca*; *Ca* *Chlamydomonas*
12 *applanata*; *Ds*, *Dunaliella salina*; *Ch*, *Characiochloris acuminata*; *Og*, *Oogamochlamys gigantean*; *HI*,
13 *Hafniomonas laevis*; *PI*, *Phacotus lenticularis*; *Ep*, *Ettlia pseudoalveolaris*
14
15

16
17

Table S2. Pairwise sequence identity between non-ribosomal plastid-encoded proteins

Protein	Length average (\pm SD)	Sequence identity (percentage)				
		CI vs Ca	CI vs Pu	Ca vs Pu	CI vs Cr	Ca vs Cr
RpoA	562.0 \pm 25.2	46.2	27.1	26.8	29.1	27.9
RpoB2	804.7 \pm 91.5	52.7	38.7	41.4	39.7	42.7
RpoB1	842.7 \pm 61.5	63.8	45.1	41	54.1	48.2
RpoC1	1,547.0 \pm 54.5	46.4	25	27	-	-
RpoC2	2,144.7 \pm 688.6	40.2	22	23.1	21.2	26
YCF1	2,154.3 \pm 198.9	61.2	41.1	40	38.2	36.83
Tu-1	421.3 \pm 4.2	95.5	82.2	81.1	93.5	90.7
FTSH	3,260.7 \pm 444.6	36.1	22.6	24.2	23.2	22.5
CLPP	522.7 \pm 32.7	76.7	51.7	52.8	59.9	60.5
Average		57.6 \pm 19.0	39.5 \pm 19.2	39.7 \pm 18.5	44.9 \pm 23.9	44.1 \pm 22.6

18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71

Pu, *Polytoma uvella*; **CI**, *Chlamydomonas leiostraca*; **Ca** *Chlamydomonas applanata*; **Cr**, *Chlamydomonas reinhardtii*,

72
73
74
75**Table S3.** Average Illumina read-coverage in coding regions of plastid and nuclear contigs of *Polytoma uvella*

	Coverage (reads/nt)
Plastid protein-coding genes	
<i>rpoC1</i> (scaffold III)	7,306
<i>rpoC2</i> (scaffold I)	5,656
<i>rps7</i>	6,276
<i>rps14</i>	5,699
<i>rps11</i>	6,111
<i>tufA</i>	5,522
<i>rps3</i>	5,924
<i>rpl36</i>	5,052
<i>rps18</i>	5,950
<i>rpl20</i>	5,128
<i>rps8</i>	5,579
<i>rpl5</i>	4,851
<i>rpl14</i>	5,213
<i>rpl16</i>	5,054
<i>rpoA</i>	5,429
<i>rps4</i>	6,050
<i>rps12</i>	5,606
<i>rpoBb</i>	5,328
<i>rpoBa</i>	5,067
<i>rps9</i>	5,999
<i>rps19</i>	6,536
<i>rpl2</i>	5,656
<i>ftsH</i>	6,768
<i>clpP</i>	6,228
<i>Mean value</i>	5,776 ± 601
Plastid rRNA-coding genes¹	
<i>rrnS-1</i> (scaffold II)	5,622
<i>rrnS-2</i>	6,203
<i>rrnS-3</i>	6,523
<i>rrnL-1</i>	5,854
<i>rrnL-2</i>	6,969
<i>rrnL-3</i>	6,333
<i>rrnL-4</i>	6,708
<i>rrnL-5</i>	6,226
<i>rrnL-6</i>	6,077
<i>rrnL-7</i>	4,032
<i>rrnL-8</i>	5,759
<i>rrnL-9</i>	5,490
<i>rrnL-10</i>	5,388
<i>rrnL-11</i>	5,662
<i>Mean value</i>	5,917.6 ± 716
Nuclear sequences	
Protein-coding regions	
Ferredoxin sulfite reductase	36
Ferredoxin-NADP reductase	29
Pyruvate-ferredoxin oxidoreductase	37
Apoferredoxin	37
Glutamate synthase	62

Protein-coding regions plus intronic sequences	
DNA repair protein RAD51	31
Structural maintenance of chromosomes protein 2 (SMC2)	30
Starch branching enzyme (SBE2)	31
Topoisomerase-like (Spo11)	30
RNA polymerase III subunit 2	33
Translation initiation factor (EIF1A)	34
V-ATPase subunit a	33
DNA mismatch repair protein Msh3 (MSH3)	33
DNA mismatch repair protein Msh4 (MSH4)	34
Genomic fragments randomly selected (size in bp)	
102,471	33
78,401	35
28,968	34
23,841	33
50,557	34
7,914	56
4,860	31
<i>Mean value</i>	38.6 ± 8

76
77

1. Only considering rRNA coding regions (see supplementary Figure 3A).