

Supplementary material 2

Table S1. List of species for phylogenetic and comparative chloroplast genomic analyses

No.	Taxa	Length (bp)	NCBI Accession code
1	<i>Astragalus flexus</i>	124,246	ON550403
2	<i>Astragalus galactites</i>	126,117	MZ504977
3	<i>Astragalus mongholicus</i>	125,055	ON550397
4	<i>Astragalus yunnanensis</i>	125,752	PV156652
5	<i>Caragana brachypoda</i>	132,700	ON550383
6	<i>Caragana erinacea</i>	133,647	PV870771
7	<i>Caragana leucophloea</i>	134,240	ON550378
8	<i>Caragana opulens</i>	133,197	ON550373
9	<i>Caragana rosea</i>	135,401	PP897770
10	<i>Caragana sinica</i>	134,120	OP581014
11	<i>Caragana stenophylla</i>	132,895	MW075108
12	<i>Chesneya acaulis</i>	128,629	MW053403
13	<i>Chesneya polystichoides</i>	127,217	PV870846
14	<i>Cicer arietinum</i>	125,319	EU835853
15	<i>Cicer chorassanicum</i>	125,542	PZ172408
16	<i>Cicer yamashitae</i>	125,748	PZ172410
17	<i>Gueldenstaedtia guangxiensis</i>	122,289	PV870828
18	<i>Gueldenstaedtia monophylla</i>	118,980	PZ504763
19	<i>Gueldenstaedtia verna</i>	122,569	OP525440
20	<i>Gueldenstaedtia verna</i>	122,283	PQ899157
21	<i>Hedysarum citrinum</i>	123,663	OR491704
22	<i>Hedysarum denticulatum</i>	123,522	OQ736726
23	<i>Hedysarum longigynophorum</i>	123,476	OR491705
24	<i>Oxytropis arctobia</i>	125,271	MT409175
25	<i>Oxytropis falcata</i>	122,781	OR491708
26	<i>Oxytropis kansuensis</i>	127,115	PQ790176
27	<i>Oxytropis ochrocephala</i>	126,996	OR897029
28	<i>Tibetia forrestii</i>	123,372	PV870854
29	<i>Tibetia himalaica</i>	124,201	MN901633
30	<i>Tibetia liangshanensis</i>	123,372	MF193597

Table S2. Gene content of the complete chloroplast genome of *Gueldenstaedtia monophylla*

Category	Group of genes	Name of genes
RNA genes	ribosomal RNA genes (rRNA)	<i>rrn5</i> , <i>rrn4.5</i> , <i>rrn16</i> , <i>rrn23</i>
	Transfer RNA genes (tRNA)	<i>trnA</i> -UGC ^a , <i>trnC</i> -ACA ^a , <i>trnD</i> -GUC, <i>trnE</i> -UUC ^a , <i>trnF</i> -GAA, <i>trnI</i> M-CAU, <i>trnG</i> -GCC, <i>trnG</i> -UCC ^a , <i>trnH</i> -GUG, <i>trnI</i> -CAU, <i>trnI</i> -GAU ^a , <i>trnK</i> -UUU ^a , <i>trnL</i> -CAA, <i>trnL</i> -UAA ^a , <i>trnL</i> -UAG, <i>trnM</i> -CAU, <i>trnN</i> -GUU, <i>trnP</i> -UGG, <i>trnQ</i> -UUG, <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 ^a , <i>trnW</i> -CCA, <i>trnY</i> -GUA
Ribosomal proteins	Small subunit of ribosome	<i>rps2</i> , <i>rps3</i> , <i>rps4</i> , <i>rps7</i> ^c , <i>rps8</i> , <i>rps11</i> , <i>rps12</i> ^{a,c} , <i>rps14</i> , <i>rps15</i> , <i>rps18</i> , <i>rps19</i>
	Large subunit of ribosome	<i>rpl2</i> ^a , <i>rpl16</i> ^a , <i>rpl14</i> , <i>rpl20</i> , <i>rpl33</i> , <i>rpl36</i> , <i>rpl32</i>
	RNA polymerase	<i>rpoA</i> , <i>rpoB</i> , <i>rpoC1</i> ^a , <i>rpoC2</i>
Protein genes	Photosystem I	<i>psaA</i> , <i>psaB</i> , <i>psaC</i> , <i>psaI</i> , <i>psaJ</i> , <i>ycf3</i> ^b
	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>psbN</i> , <i>psbT</i> , <i>psbZ</i>
	Cytochrome b6/f	<i>petA</i> , <i>petB</i> ^a , <i>petD</i> ^a , <i>petG</i> , <i>petL</i> , <i>petN</i>
	ATP synthase	<i>atpA</i> , <i>atpB</i> , <i>atpE</i> , <i>atpF</i> ^a , <i>atpH</i> , <i>atpI</i>
	Rubisco	<i>rbcL</i>
	NADH dehydrogenase	<i>ndhA</i> ^a , <i>ndhB</i> ^a , <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>
	ATP-dependent protease subunit P	<i>clpP</i> ^a
	Chloroplast envelope membrane protein	<i>cemA</i>
	Translational initiation factor	<i>infA</i>
Other genes	Maturase	<i>matK</i>
	Subunit acetyl-coA carboxylase	<i>accD</i>
	C-type cytochrome synthesis	<i>ccsA</i>
	Hypothetical proteins	<i>ycf1</i> , <i>ycf2</i>

Notes: ^a Gene with one intron, ^b Gene with two introns, ^c Trans-splicing gene.