

Figure S1: The results of the number of identical base pair frequencies, base pairs undergoing transitions, and base pairs undergoing transversion in all four genomes of four *Tulipa* species

1

2

3

4

5

6

7

8

9

10

11

12

13

14

15

16

17

18

19

20

21

22

23

Directional Pair Frequencies

Data Filename: 4-21.10.2024 Whole genome alignhment last version.meg

Data Title: 4

Nucleotide Pair Frequencies

Sites Used: All selected

No. of sequences used: 4

Sequences used

NC 084336.1 Tulipa dubia

NC 087048.1 Tulipa greigii chloroplast complete genome

NC 087786.1 Tulipa kaufmanniana

OR458821 T alberti Chloroplast complete genome

All frequencies are averages (rounded) over all taxa.

ii = Identical Pairs

si = Transitionsal Pairs

sv = Transversional Pairs

R = si/sv

Domain

ii

si

sv

R

TT

TC

TA

TG

CT

CC

CA

CG

AT

AC

AA

AG

GT

GC

GA

GG

Total

Domain

Info

1. Avg 150926 288 264 1,1 48388 77 46 39 73 28166 43 5 50 39 47200 72 38 5 66 27172 151477,2 Data

. 1st 50305 99 81 1,2 15874 28 15 10 27 9486 13 1 15 12 15598 22 12 2 21 9346 50484,7 1st Pos Data

. 2nd 50319 88 84 1,1 15976 22 16 14 20 9434 12 1 16 11 16034 25 13 1 21 8874 50490,5 2nd Pos Data

. 3rd 50302 101 100 1,0 16537 27 14 14 26 9246 18 3 19 16 15568 24 13 2 24 8952 50502,0 3rd Pos Data

Table S1: Lengths of introns in whole chloroplast genomes of four *Tulipa* species

	<i>T. alberti</i>	<i>T. kaufmanniana</i>	<i>T. greigii</i>	<i>T. dubia</i>
Introns	Intron length (bp)			
ndhA	1011	1011	1012	1011
trnA-UGC-2	795	795	795	795
trnI-GAU-2	930	930	930	930
rps12B	859	864	847	864
rps12B	540	540	540	540
ndhB	692	692	692	692
rpl2	651	651	662	651
rpl16	744	744	750	744
petD	779	779	779	779
petB	806	806	805	806
clpP1	817	817	808	602
clpP1	597	596	604	817

rps12A	587	587	589	587
trnV-UAC	590	590	590	590
trnL-UAA	572	572	568	568
pafl	721	721	733	713
pafl	713	713	713	721
rpoC1	691	692	685	719
atpF	797	798	800	800
trnG-UCC	721	721	724	727
rps16.	879	879	874	874
trnK-UUU	2605	2605	2606	2620
rpl2-2	651	651	662	651
ndhB-2	692	692	692	692
rps12B-2	859	864	847	864
rps12B-2	540	540	540	540
trnI-GAU	930	930	930	930
trnA-UGC	795	795	795	795

Length introns are in bold.

Table S2: Frequency of Identified SSRs in whole chloroplast genomes of four *Tulipa* species

Taxonomy	Total	SSC	IR	LSC	Mono	Di	Tri	Tetra	Penta	Hexa
<i>T. alberti</i>	158	31	26	102	56	38	53	8	1	2
<i>T. kaufmanniana</i>	157	30	28	100	57	37	53	8	0	2
<i>T. greigii</i>	173	32	26	116	70	39	51	10	3	0
<i>T. dubia</i>	163	30	28	100	61	38	53	7	0	3

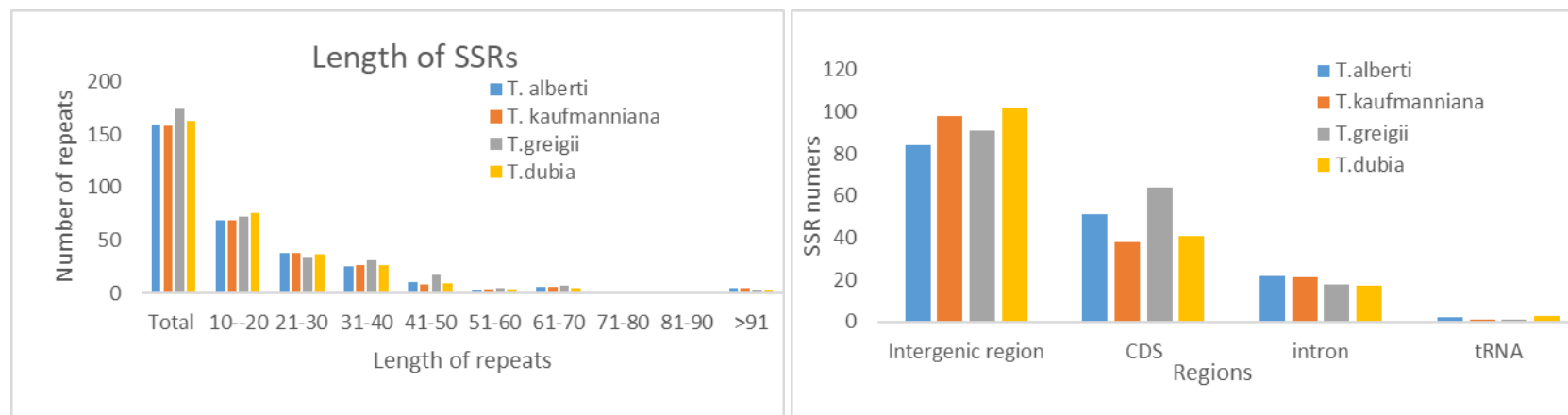


Figure S2: SSR repeat length and distribution in different regions of the genomes of four *Tulipa* species.

Table S3: 10 genes which has effective polymorphic SSRs with high sequence variability (SV>2,5814)

No.	Region		Genes	Length (bp)	Sequence variability (SV)
1	SSC	CDS	<i>ndhF</i>	305	4,1115
2	LSC	CDS	<i>ycf1</i>	5313	5,8140
3	LSC	CDS	<i>rpl22</i>	410	3,8835
4	LSC	CDS	<i>rps3</i>	656	3,6585
5	LSC	CDS	<i>rpl36</i>	113	3,5088
6	LSC	CDS	<i>psbH</i>	221	5,3812
7	LSC	CDS	<i>cemA</i>	690	3,0435
8	LSC	CDS	<i>rbcL</i>	1442	3,3626
9	LSC	CDS	<i>rpoC2</i>	4143	2,5814
10	LSC	CDS	<i>matK</i>	1538	6,1024

Table S4: Codon content of 20 amino acids and stop codons in CDS of the genomes of four *Tulipa* species

			<i>T. albertii</i>		<i>T. greigii</i>		<i>T. kaufmanianna</i>		<i>T. dubia</i>	
			Number	RSCU	Number	RSCU	Number	RSCU	Number	RSCU
1	Alanine	GCT	176	1,15	621	1,8	612	1,8	138	0,98
		GCC	113	0,74	215	0,62	212	0,62	111	0,79
		GCA	213	1,39	404	1,17	408	1,2	188	1,34
		GCG	111	0,72	138	0,4	129	0,38	125	0,89
2	Arginine	CGT	135	0,47	353	1,39	339	1,4	100	0,49
		CGC	117	0,4	95	0,37	89	0,37	77	0,38
		CGA	242	0,84	342	1,34	326	1,34	192	0,94
		CGG	227	0,78	110	0,43	106	0,44	219	1,07
		AGA	632	2,18	493	1,94	466	1,92	393	1,92
		AGG	385	1,33	134	0,53	130	0,54	247	1,21
3	Asparagine	AAT	792	1,33	1005	1,57	890	1,56	595	1,25
		AAC	402	0,67	273	0,43	249	0,44	360	0,75
4	Aspartic acid	GAT	420	1,35	843	1,62	792	1,62	372	1,33
		GAC	202	0,65	199	0,38	185	0,38	187	0,67
5	Phenylalanine	TTT	1067	1,23	948	1,3	862	1,26	814	1,1
		TTC	675	0,77	512	0,7	501	0,74	663	0,9
6	Leucine	TTA	610	1,45	889	2	832	1,98	625	1,13
		TTG	551	1,31	515	1,16	493	1,17	760	1,38
		CTT	520	1,24	584	1,31	561	1,33	573	1,04
		CTC	249	0,59	171	0,38	159	0,38	391	0,71
		CTA	342	0,81	357	0,8	329	0,78	536	0,97
		CTG	247	0,59	157	0,35	148	0,35	429	0,78
7	Isoleucine	ATT	850	1,2	1086	1,44	1025	1,46	744	1,02
		ATC	584	0,82	423	0,56	407	0,58	602	0,82
		ATA	694	0,98	747	0,99	681	0,97	849	1,16
8	Methiodine	ATG	485	1	606	1	570	1	752	1

9	Valine	GTT	408	1,45	518	1,48	497	1,47	454	1,24
		GTC	222	0,79	185	0,53	177	0,52	266	0,73
		GTA	304	1,08	514	1,46	495	1,47	437	1,2
		GTG	191	0,68	187	0,53	180	0,53	305	0,83
10	Serine	TCT	502	1,22	574	1,71	549	1,73	392	1,47
		TCC	357	0,87	298	0,89	287	0,9	239	0,9
		TCA	612	1,19	433	1,29	402	1,27	402	1,51
		TCG	334	0,81	181	0,54	172	0,54	272	1,02
		AGT	349	0,85	418	1,25	401	1,26	191	0,72
		AGC	307	0,75	106	0,32	93	0,29	103	0,39
11	Proline	CCT	213	1,01	412	1,54	396	1,55	212	0,91
		CCC	163	0,77	222	0,83	213	0,84	189	0,81
		CCA	296	1,4	318	1,19	293	1,15	299	1,28
		CCG	175	0,83	119	0,44	117	0,46	231	0,99
12	Threonine	ACT	264	0,95	532	1,63	508	1,65	211	1,03
		ACC	246	0,88	220	0,68	205	0,67	174	0,85
		ACA	401	1,44	413	1,27	385	1,25	291	1,42
		ACG	206	0,74	137	0,42	133	0,43	145	0,71
13	Tyrosine	TAT	828	1,32	793	1,63	739	1,63	600	1,24
		TAC	422	0,68	182	0,37	165	0,37	368	0,76
14	Histidine	CAT	360	1,31	494	1,6	471	1,6	316	1,22
		CAC	191	0,69	124	0,4	118	0,4	202	0,78
15	Glutamine	CAA	514	1,35	683	1,52	629	1,49	508	1,17
		CAG	247	0,65	216	0,48	214	0,51	359	0,83
16	Lysine	AAA	988	1,31	1034	1,49	864	1,46	834	1,16
		AAG	525	0,69	350	0,51	322	0,54	605	0,84
17	Glutamic acid	GAA	553	1,31	1010	1,51	917	1,49	557	1,23
		GAG	290	0,69	331	0,49	315	0,51	346	0,77
18	Cysteine	TGT	394	1	216	1,48	207	1,48	239	1,15
		TGC	391	1	76	0,52	73	0,52	175	0,85
19	Tryptophen	TGG	559	1	447	1	418	1	424	1

20	Glycine	GGT	226	0,73	550	1,27	547	1,29	245	0,92
		GGC	227	0,73	196	0,45	185	0,44	160	0,6
		GGA	434	1,4	691	1,6	668	1,57	343	1,28
		GGG	355	1,14	295	0,68	298	0,7	321	1,2
			24095		25695		24154		22457	

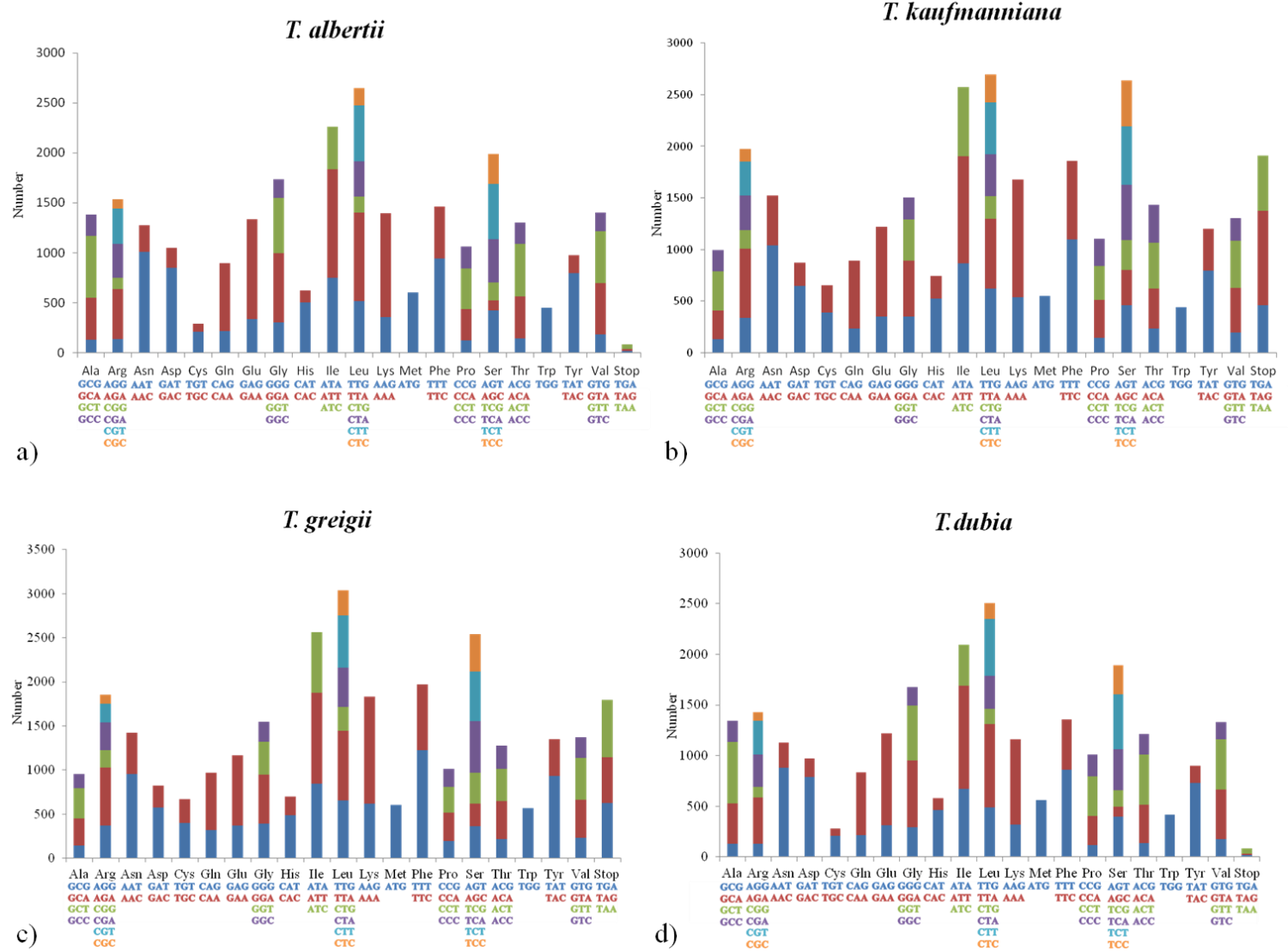


Figure S3: Codon content of 20 amino acids and stop codons in CDS of the genomes of four *Tulipa* species