

Table S.4: Alpha values based on different phylogenies. Estimation are based on possible alternative phylogenies for the common genes, which are sorted from 1 to 10 as from best supported to least supported.

Group	α in overall genes										α in Non-informational genes									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
<i>Bacillus</i>	0.39	0.35	0.39	-	-	-	-	-	-	-	0.39	0.41	0.39	-	-	-	-	-	-	-
<i>Brucella</i>	0.035	0.022	0.022	-	-	-	-	-	-	-	0.037	0.022	0.022	-	-	-	-	-	-	-
<i>Burkholderia</i>	0.18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.19	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Candidatus</i>	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Chlamydophila</i>	0.39	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.52	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Clostridium</i>	0.52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.63	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Corynebacterium</i>	1.19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.70	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ehrlichia</i>	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Escherichia</i>	0.31	0.31	-	-	-	-	-	-	-	-	0.33	0.33	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Helicobacter</i>	0.52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.70	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Lactobacillus</i>	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Mycobacterium</i>	0.23	0.23	0.24	-	-	-	-	-	-	-	0.26	0.26	0.24	-	-	-	-	-	-	-
<i>Mycoplasma</i>	∞	∞	∞	∞	∞	∞	∞	∞	∞	-	∞	∞	∞	∞	∞	∞	∞	∞	∞	-
<i>Prochlorococcus</i>	2.56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3.44	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pseudomonas</i>	1.91	1.91	1.70	1.91	1.91	-	-	-	-	-	2.28	2.15	2.15	2.28	2.28	-	-	-	-	-
<i>Rhodopseudomonas</i>	0.52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.59	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Rickettsia</i>	0.35	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.41	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i>	0.080	0.085	0.085	0.085	0.080	-	-	-	-	-	0.095	0.095	0.095	0.101	0.095	-	-	-	-	-
<i>Shigella</i>	0.17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.18	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Staphylococcus</i>	0.085	0.090	0.085	0.085	0.080	-	-	-	-	-	0.090	0.090	0.090	0.090	0.085	-	-	-	-	-
<i>Streptococcus</i>	0.29	0.29	0.29	-	-	-	-	-	-	-	0.33	0.31	0.33	-	-	-	-	-	-	-
<i>Synechococcus</i>	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-	∞	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Vibrio</i>	0.17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.19	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Xanthomonas</i>	0.59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.70	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Yersinia</i>	0.060	0.056	0.056	0.056	0.056	0.060	0.056	0.056	0.056	0.056	0.067	0.060	0.060	0.063	0.060	0.063	0.067	0.063	0.063	0.060