

	106	164
	DPLGLAAPVNTPLDGLPFHSLSDGDLNSEFSTG	GVGGQPRMKLRDLLARLKATYTGSGIG
	-----TT-----	-----
	-----P-S-P---D-----N-QA-DN-----	-I-----N--H-----DT--
	-----TP-I-P-----ES--G-----	-L-----
	-----TP---P-----QA-MD-----	-----K-----AST--
	-----VP---P---D-----QA-D-----	-----K---T-----AS---
	-----VP---P---D-----QA-D-----	-----K---T-----AS---
	-----TP---P---D-----QA-MD-----	-----K---T-----AS---
	-----VP---P---D-----QA-D-----	-----K---T-----AS---
	-----TP---P---D-----QA-D-----	-----K-----AS---
	-----TP---P---D-----QA-MD-----	-----K-----AST--
	-----TP-M-P-----E-----ER-DA-----	-LA-----
	-----SE---P-----EW-T-ER-D-----	--A---V-----
	-----TEKMPA-----A-G--A--DT--D--	N YA--GQ-L--E--SH-QK--AST--
	-----W-RETVAE-DPA--N-QGA-MEAT-NV-	S YAI-RET-V-S--Y-S--K--C---
	-----IMEREAV---E-AH-G-TA--DTV-Q--	N LFI-K-ETS--IVDC-TS--CS-V-
	-----WKQERVR--E-SH---EQ-FD-V-NV-	S YAI-KDS-P-GE-FKS-NR--C---
	-----WEREPV---N-AY-D-TEF-FENS-NI-	S FAIPKKT-T-A--YTA--K--C---
	-----MQRDPV---D-S--G-TNA--DTV---	S LFI-KEEAT--EIVEA-EK--C-H--
	-----WEQE-VA--DPS--D-TEA-FQES-NV-	S FAI-KET--GE-ISA--Q--C-P--
	-----WQRDKVR--Q-SH-D--EN-FDK-YNV-	S FAI--DT---G--YKA-RN--C---
	-----WQQERVA--DPA--D-TEA-FQET-NV-	S FAL-KET---G--IEA--Q--C---
	-----WKQERV---D-AY-N-TEQ--DET-NV-	S FAI-RDT-R-GE-Y-A--Q--C-P--
	-----WQQERVA--DPA--D-TEA-FQET-NV-	S FAI-KDT---GE-IDA--Q--C---
	-----WKQEPVA--DPGY-G--A-FQES-NV-	S FAI-KET---A--Y-A--Q--C---
	-----WQQEKVA--DPS--D-TEA-FQET-NV-	S FAS-KET--GE--EA--Q--C-P--
	-----RS-TPV---D-S--Q--QS--DT--Q--	S FFL-ADKAP-KEIVEA-QQ--CR---
	-----WKQEEV---S-A--D-TKD--DR--NV-	S LAV-SET---K-IHKA-EDI-C-P--
	-----WKQERVA--DPAY-D-TEA-FQDSYNV-	S FAI-KDT---G--I-A--Q--C---
	-----MQREPV---D-R--E--EA-YDTV-QL-	S LFF-PEEAP---IV-D--K--CSTV-
	-----WKQDRVA--DPA--D-TEA-FQES-NV-	S FAI-KDT---A--FQA-TQ--C---
	-----WEQERVLE-APE--N-TED-F-ES-NV-	S FAV--ET---SEIY-A--K--C---
	-----WKQD-V---DPA--N-TEA-FAET-NV-	S FAI-KET---A--YEA--R--C---
	-----WKRESV---DPA--N-TKE-FEET-NV-	S FAI-KET---G-IYEA--RI-C---
	-----WKREAV---DPT--N-TKE-FDET-NV-	S FAI-KET---SE-YEH--RI-C---
	-----VENAKVK--DPFY-E-EGE-FDAS-NV-	S Y-A-NE--I-K--TS--S--C-TL-
	-----QIHEYVAE-EPA--N-T-E-FSET-NV-	S FAS--ET---S--YDA-RS--C--V-
	-----WKQEPV---DPA--N-TKA-FEET-NV-	S FAI-KETL--A--YDA--RI-C---
	-----WKQESV---DPAY-H-TEA-FQNT-NV-	S FAI-KET---S--YTA--Q--C---

Xanthomonadales

Other Bacteria

Figure S26

Partial sequence alignment of a conserved region in 2-oxoglutarate-dehydrogenase E1 component showing a 1 aa deletion that is uniquely shared by all Xanthomonadales except *Rhodanobacter* sp. 2APBS1