

		65	120	
Xanthomonadales	Stenotrophomonas maltophilia	194365029	KFYKAAEGVGIKPIAGADVLIAEEGQD PWRMTLLCRDREGYLSLSRLLTRAWMEG	
	Stenotrophomonas sp. SKA14	254524078	-----	
	Xanthomonas oryzae	166712747	-----M--TPDMT-----	
	Xanthomonas axonopodis	21242159	-----M--TPDMT-----	
	Xanthomonas campestris	188992333	-----M--TPDMT-----	
	Xanthomonas fuscans	294625959	-----M--TPDMT-----	
	Xanthomonas albilineans	285018805	-----L--DGS-A---L--	
	Xanthomonas perforans	325929585	-----M--TPDMT-----	
	Xanthomonas vesicatoria	325916626	-----M--TPDMT-----	
	Xanthomonas gardneri	325923963	-----M--TPDMT-----	
	Xylella fastidiosa	71898629	-----T-----S--L---PEHT--G-----HT---N--Q-IS-G-L--	
	Pseudoxanthomonas spadix	357417821	-Y---C-A-----S-V--DGT--SI-----HS---T-----L--	
	Pseudoxanthomonas suwonensis	319787804	-----C-A-----V-----LM--SSPGE[A]-----A-V--HG---N-----	
	Rhodanobacter sp. 2APBS1	352086322	-----CSAA-----G-C-LWM-APDDP[R]---L---QH-A---N---VS---Q--	
	Acidithiobacillus	255020984	---Q--REA-V-A-I-SE-WLCPD-P[ED]-SSLV-----T-FRN-----S-GYL--	
	Other Bacteria	Acidithiobacillus	218665927	---N--R-Q-V--LI-SE-WVHDVAEP[ER]-VSLV---M-KT--RN----S--YL--
		Alkalilimnicola ehrlichii	114321000	-----LAA-V---V--EIRVED-EAE[RD]HSAL-----LD--AA-----SLSYQQ-
Allochromatium vinosum		288940218	R-----V-A-V-----LWVRNPEDA[NH]-H-LV--AQ-EP--RN-T--IS-GFV--	
Arsenophonus nasoniae		284008505	---G--HAE-----I---FYLES-LLG[DE]VAHL-I-A--NK--HN-TL-ISA-YQK-	
Azotobacter vinelandii		226945926	-----MAG-V--C---IWL-SAEP-[AP]LS-L--AM-AK--RN-TE-VS-G-T--	
Cellvibrio japonicus		192360327	-----Q-T-----S-F-M-SHET-[GK]-TLL--AMNQ--KNIIE-IS--RS-	
Chromohalobacter salexigens		92112711	-T---Q-A-L--VI--LWMENPHDE[EH]-Y-V--AM-ND--RH-TE-ISQG-S--	
Congregibacter litoralis		88706741	--H--VNA----F---WVT-SLK-[DE]AHPLC--VMNAT---N-T---S--YR--	
Edwardsiella ictaluri		238918790	---GS-H-A---LV-----VRS-TMG[DE]LSAL--AC-NQ--QN-TQ-ISH-YQR-	
Edwardsiella tarda		269138108	---GS-H-A---LV-----VRS-TMG[DE]LSAL-I-AC-N--QN-TQ-ISH-YQR-	
Halorhodospira halophila		121998235	---R--LAA-V---I-G--WL-DDTVE[FG]YA-L-----G--RA-----S--YR--	
Marinobacter algicola		149377463	R-----M-A-V---I---LWVENPDEP[DN]-F-I---A-NND---N-TEVSLGYT--	
Methylophaga thiooxidans		254491862	-LFN--MQA-V--L---LRLKDP[KS]ST-FV---MNL--FHN-----S--Y---	
Nitrococcus mobilis		88812392	---R--VNA-V---I--EIRV-DADAS[ER]-A-LV--A-TQ--RT-T----GYL--	
Proteus mirabilis		227357235	---G--H-A-----V---YLET-LLG[DE]YAHL-I-A--NV--QN-TL-ISE-YKH-	
Providencia rettgeri		291326493	R--G--H-A-----I---FYVES-LLG[DE]ISHL-V-A-NN---QN-TL-ISE-YQK-	
Pseudomonas mendocina		146308059	---T-M-A-V--C---IWM-SAEE-[GP]LT-L--AMNPK--RN-TE-IS-G-A--	
Saccharophagus degradans	90020753	-----Q-A-V--C-C-FRMEPLDEE[SN]-AIF--AMNP--RNITE-ISLSYQK-		
Yersinia pestis	167470458	---GS-H-A-----I---FYVQS-ILG[DE]LAHL-V-A-NN---QN-TL-ISE-YQR-		

Figure S32

Partial sequence alignment of a conserved region DNA polymerase III subunit alpha showing a 2 aa deletion that is commonly shared by all Xanthomonadales except *Pseudoxanthomonas suwonensis* and *Rhodanobacter* sp. 2APBS1. These two have only 1 aa deletion at the same position.