Supplementary Fig. S2. Variations in sequence lengths of VcA regions in V. cholerae

strains.

PL 1	22 TGATGATTCG	0 230 GCTCTTGCTT GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	0 250 TCGTACAAAT	CCTGCGCT.	0 270	280
PL 2 PL 3	TGCTGTTGCT	GTTGCTGTTG	CIGIIGCIGI	GCAGCTTTGA	CCACGTCTAA	ATTGTGTCGT	GCATCTTGAT
PL 4 PL 5	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG	GCTCTTGCTT CT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT
PL 6 PL 7 PL 8	AAATTGTGTC	GTTCGTACAA GTGCATCTTG	ATGATTCGGC	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC	GTACAAATCC	TGCGCT
PL 9	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG	CT	GTACAAATCC	TGCGCT
PL 10 PL 11 PL 12	AAATTGTGTC	GATTCGGCTC GTGCATCTTG	ATGATTCGGC	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC	GTACAAATCC	TGCGCT
PL 13	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC	GTACAAATCC	TGCGCT		GTACAAATCC	
PL 14 PL 15 PL 16	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG	CT	GTGTTCGTAC	
PL 16 PL 17 PL 18	ACGTCTAAAT	TGTGTCGTGC	ATCTTGATGA	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC GTACAAATCC	AAATCCTGCG
PL 19 PL 20	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC	GTACAAATCC	TGCGCT			
PL 21 PL 22	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC GTTCGTACAA	GTACAAATCC	TGCGCT			
PL 23 PL 24	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT		
PL 25 PL 26	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT	CGGCTCTTGC	
PL 27 PL 28	TGCGCT						
PL 29 PL 30	TTGAGAACGT	GTTCGTACAA ACAAATCCTG	ATCCTGCGCT				
PL 31 PL 32	GCAGCTTTGA	CCACGTCTAA	ATTGTGTCGT	GCATCTTGAT	GATTCGGCTC GCTTGAGAAC	TTGCTTGAGA GTGTTCGTAC	ACGTGTTCGT AAATCCTGCG
PL 33 PL 34	TTGACCACGT	CTAAATTGTG	TCGTGCATCT	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT GAGAACGTGT	TCGTACAAAT
PL 35 PL 36	AAATTGTGTC	GTGCATCTTG	ATGATTCGGC	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC	GTACAAATCC TTGCTTGAGA	TGCGCT
PL 37A PL 37B	GCAGCTTTGA TCTTGCTTGA	CCACGTCTAA GAACGTGTTC	ATTGTGTCGT GTACAAATCC	GCATCTTGAT TGCGCT	GATTCGGCTC	TTGCTTGAGA	ACGTGTTCGT
PL 38 PL 39	GCATCTTGAT	GATTCGGCTC	TTGCTTGAGA	ACGTGTTCGT	ACAAATCCTG	CGCT	
PL 40 PL 41	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT		
PL 42 PL 43 PL 44	ACGTCTAAAT	TGTGTCGTGC	ATCTTGATGA	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	ATCCTGCGCT GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG
PL 44 PL 45 PL 46	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT		
PL 46 PL 47 PL 48	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT		
PL 49 PL 50	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT	CGCT	AAATCOTGOG
PL 51 PL 52	mmch coh com	0033330000000	macmeanman	meameama.	comonmecomm	CACA A COMON	morema casa a se
PL 53 PL 54	TTGACCACGT	CTAAATTGTG	TCGTGCATCT	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT
PL 55 PL 56	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG	CT		
PL 57 PL 58	ACGTCTAAAT ACGTCTAAAT	TGTGTCGTGC TGTGTCGTGC	ATCTTGATGA ATCTTGATGA	TTCGGCTCTT TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC GCTTGAGAAC	ATGATTCGGC GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG AAATCCTGCG
PL 59 PL 60	TTGAGAACGT	GTTCGTACAA	ATCCTGCGCT			GAGAACGTGT	
PL 61 PL 62	TTGACCACGT TTGACCACGT	CTAAATTGTG CTAAATTGTG	TCGTGCATCT TCGTGCATCT	TGATGATTCG TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT GAGAACGTGT	TCGTACAAAT
PL 63 PL 64	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT		
PL 65 PL 66	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GIGITCGIAC	AAATCCTGCG	CT		
PL 67 PL 68	TTCGGCTCTT TTGAGAACGT	GCTTGAGAAC GTTCGTACAA	GTGTTCGTAC ATCCTGCGCT	AAATCCTGCG	CT		
PL 69 PL 70	TGCTGTGCAG	GAACGTGTTC CTTTGACCAC	GTCTAAATTG	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT
PL 71 PL 72	ACGTCTAAAT	TGTGTCGTGC	ATCTTGATGA	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	CGGCTCTTGC GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG
PL 73 PL 74 PL 75	ACGTCTAAAT	TGTGTCGTGC	ATCTTGATGA	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG
PL 76 PL 77	ACGTCTAAAT	TOTOTOCTOC	ATCTTGATGA	TTCCCCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG
PL 78 PL 79	ACGTCTAAAT	TGTGTCGTGC	ATCTTGATGA	TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG
PL 80 PL 81	TTGACCACGT	CTAAATTGTG	TCGTGCATCT	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT TTGCTTGAGA	TCGTACAAAT
PL 82 PL 83	TCGTACAAAT	CCTGCGCT					
PL 84 PL 85	TTGACCACGT	CTAAATTGTG	TCGTGCATCT	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT GAGAACGTGT	TCGTACAAAT
PL 86 PL 87	TTGACCACGT	CTAAATTGTG	TCGTGCATCT	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT GAGAACGTGT	TCGTACAAAT
PL 88 PL 89	TCGTACAAAT	CCTGCGCT CTAAATTGTG	TCGTGCATCT	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	
PL 90 PL 91	TGATGATTCG AAATTGTGTC	GCTCTTGCTT GTGCATCTTG	GAGAACGTGT ATGATTCGGC	TCGTACAAAT TCTTGCTTGA	CCTGCGCT GAACGTGTTC	GTACAAATCC	TGCGCT
PL 92 PL 93	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC GTTCGTACAA	GTACAAATCC ATCCTGCGCT	TGCGCT			
PL 94 PL 95	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT	GTACAAATCC	
PL 96 PL 97 PL 98	TGATGATTCG	GCTCTTGCTT	GAGAACGTGT	TCGTACAAAT	CCTGCGCT	GTCTAAATTG	
PL 98 PL 99 PL 100	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT	GTTCGTACAA	ATCCTGCGCT ATCCTGCGCT	
PL 101 PL 102	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT	GTTCGTACAA	ATCCTGCGCT GTACAAATCC	
PL 103 PL 104	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT	GTTCGTACAA	ATCCTGCGCT ATCCTGCGCT	
PL 105 PL 106	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT CTTGATGATT	CGGCTCTTGC CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT TTGAGAACGT	GTTCGTACAA GTTCGTACAA	ATCCTGCGCT ATCCTGCGCT	
PL 107 PL 108	TGCTGTGCAG TCTTGCTTGA	CTTTGACCAC GAACGTGTTC	GTCTAAATTG GTACAAATCC	TGTCGTGCAT TGCGCT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT
PL 109 PL 110	TTCGGCTCTT TTCGGCTCTT	GCTTGAGAAC GCTTGAGAAC	GTGTTCGTAC GTGTTCGTAC	AAATCCTGCG AAATCCTGCG	CT CT		
PL 111 PL 112	TTCGGCTCTT TCTTGCTTGA	GCTTGAGAAC GAACGTGTTC	GTGTTCGTAC GTACAAATCC	AAATCCTGCG TGCGCT	CT		
PL 113 PL 114	TCTTGCTTGA	GAACGTGTTC	GTACAAATCC	TGCGCT			
PL 115 PL 116	TCTTGCTTGA TTCGGCTCTT	GAACGTGTTC GCTTGAGAAC	GTACAAATCC GTGTTCGTAC	TGCGCT AAATCCTGCG			
PL 117 PL 118	ACGTGTTCGT	ACAAATCCTG	CGCT			CGCT	
PL 119 PL 120 PL 121	AAATCCTGCG	CT					
PL 121 PL 122 PL 123	AAATCCTGCG	CT					
PL 123 PL 124 PL 125	AAATCCTGCG	CT					
PL 125 PL 126 PL 127	TTGAGAACGT	GTTCGTACAA GAACGTGTTC	ATCCTGCGCT				
PL 128 PL 129	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT		ATCCTGCGCT CGGCTCTTGC	
PL 130	TGCTGTGCAG	CTTTGACCAC	GTCTAAATTG	TGTCGTGCAT	CTTGATGATT	CGGCTCTTGC	TTGAGAACGT