

Mho-50

	1			100
PG21	AAACAACAAATGATAGTCAAAAATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGACTGGACAATC	TCAAGATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGACTGGACAATC		
H34	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGGCAATC	-----		
M132	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGGCAATC	-----		
4244	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	-----		
4704	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	-----		
4927	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	-----		
3631	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	-----		
4829	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGAGTGGGCAATC	-----		
1562	AAACAACAAATGATAGTCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	-----		
2477	AAACAACAAATGATAGTCAAAAATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGACTGGACAATC	TCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACTGGACAATC		
2537	AAACAACAAATGATAGTCAAAAATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGAGTGGGCAATC	-----		
4796	AAACAACAAATGATAGTCAAAAATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGACTGGACAATC	-----		
	101			200
PG21	TCAAGATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGAGTGGACAATC	TCAAGATTCTACAACCACAGGTGAAGATTCGAGTGGACAATC	GCAATCTGGCGACATT	
H34	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
M132	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
4244	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
4704	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
4927	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
3631	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
4829	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
1562	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
2477	TCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	TCAAGATTCTACGACCACAGGTGAAGATTCGACCGGACAATC	TCAATCTGGCGACATT	
2537	-----	-----	TCAATCTGGCGACATT	
4796	-----	-----	GCAATCTGGCGACATT	

Mho-52

[illegible]

Mho-53

	1	2	3	4	5	6	7	77
PG21	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATTATTAAAT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
H34	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
M132	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
4244	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
4704	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
4927	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
3631	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
4829	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
1562	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
2477	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
2537	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					
4796	GGCGATGGGCTAGAACTTTGATTTGATTTATTATTATTATT	---	TTGATCTTGATTATTTTTATTTGTTGC					

Mho-114

1 100

PG21 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATAATTGGCTTTGGCTTTGTTTCTGGTTTAAGCTTTTTATC

H34 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATATTCAGCCTTGGCTTTGCTTCTGGTTTATGCTCTTTATC

M132 TGTAATAATTTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAGTTAATCTCTGTTTTATATTTGGCCTTGGCTTTGCTTCTGGTTTATGCTCTTTATC

4244 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCTGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATAAATTGGCT-----TTGTTTCTGGTTTAAGCTTTTTATC

4704 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAGTTAATCTCTGTTTTATATTCGGCCTTGGCTTTGCTTCTGGTTTATGCTCTTTATC

4927 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATAAATTTCTTTTCTTTGTTTCTGGTTTAAGCTCTTTATC

3631 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCTGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATAAATTGGCTTTGGCTTTGTTTCTGGTTTAAGCTTTTTATC

4829 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATATTCGGCCTTGGCTTTGCTTCTGGTTTATGCTCTTTATC

1562 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATATTTGGCCTTGGCTTTGCTTCTGGTTTAAAGCTTTTTATC

2477 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATAAATTGGCTTTGGCTTTGTTTCTGGTTTAAGCTCTTTATC

2537 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAGTTAATCTCTGTTTTATATTCGGCCTTGGCTTTGCTTCTGGTTTATGCTCTTTATC

4796 TGTAATAATCTGAAGTTTAAACATCAGGAAATATTTCTCTCAATTAATCTCTGTTTTATAAATTGGCTTTGGCTTTGTTTCTGGTTTAAGCTCTTTATC

Mho-116

1 100
 PG21 TTTTCCAAAATCGAATTCGATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTCTAACATCTTTTTTAGCAATTACATATTTTCCAGTTTTAGGATCTTTTTCTAATTTA
 H34 TTTTCCAAAATCGAATTCGAATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGCATCTTGTTCTAATTTA
 M132 TTTTCCAAAATCGAATTCGATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA
 4244 TTTTCCAAAATCGAATTCGATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACATCTTTTTTGGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA
 4704 TTTTCCAAAATCGAATTCGAATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACATCTTTTTTAGCAATTACATATTTTCCAGTTTTAGGATCTTTTTCTAATTTA
 4927 TTTTCCAAAATCGAATTCGAATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACATCTTTTTTAGCAATTACATATTTTCCAGTTTTAGGATCTTTTTCTAATTTA
 3631 TTTTCCAAAATCGAATTCGAATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA
 4829 TTTTCCAAAATCGAATTCGATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA
 1562 TTTTCCAAAATCGAATTCGATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA
 2477 TTTTCCAAAATCGAATTTAATTAGTTCTGTTGTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA
 2537 TTTTCCAAAATCGAATTCGAATTGGTTTTGGTTTTGAA---CCTCTAACATCTTTGTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGCATCTTGTTCTAATTTA
 4796 TTTTCCAAAATCGAATTCGATTAGTTTTGGTTTTGAA---CCTTTAACAGTTTTTTTTAGCAATTACATATTTTTTAGTATTGGTATCTTGTTCTAATTTA

Figure S1. Alignment of the sequences of the five targeted genomic regions of the 12 *M. hominis* strains used for the selection of the VNTRs. For each VNTR, repeat copies are boxed and marked by the number corresponding to the number of the repeat marker. Numbers indicate on the left of the alignment designate *M. hominis* strain names.