

Supplementary Materials: Virulence Genes of *S. aureus* from Dairy Cow Mastitis and Contagiousness Risk

Giada Magro, Stefano Biffani, Giulietta Minozzi, Ralf Ehricht, Stefan Monecke, Mario Luini and Renata Piccinini

Table S1. Complete results of the microarray analysis performed on *S. aureus* isolates from 60 dairy herds in Italy.

Genes		Classes of prevalence (Frequency %)				
		LP	MLP	MHP	HP	
sarA	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	staphylococcal accessory regulator A
saeS	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	histidine protein kinase, sae locus
vraS	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	sensor protein
agrB-I	neg	0,25	0,20	0,49	0,15	accessory gene regulator allele I
	POS	0,75	0,80	0,52	0,85	
agrC-I	neg	0,25	0,18	0,49	0,15	
	POS	0,73	0,82	0,52	0,85	
agrD-I	neg	0,27	0,18	0,49	0,15	
	POS	0,73	0,82	0,52	0,85	
agrB-II	neg	0,80	0,84	0,52	0,94	accessory gene regulator allele II
	POS	0,21	0,16	0,49	0,06	
agrC-II	neg	0,80	0,84	0,52	0,94	
	POS	0,21	0,16	0,49	0,06	
agrD-II	neg	0,80	0,84	0,52	0,94	
	POS	0,21	0,16	0,49	0,06	
agrB-III	neg	0,89	0,98	1,00	0,92	accessory gene regulator allele III
	POS	0,07	0,02	0,00	0,09	
agrC-III	neg	0,96	0,98	1,00	0,92	
	POS	0,05	0,02	0,00	0,09	
agrD-III	neg	0,96	0,98	1,00	0,92	
	POS	0,05	0,02	0,00	0,09	
agrB-IV	neg	0,77	0,56	0,64	0,38	accessory gene regulator allele IV
	POS	0,23	0,44	0,36	0,62	
agrC-IV	neg	0,98	1,00	1,00	1,00	
	POS	0,02	0,00	0,00	0,00	
hld	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	haemolysin delta
blaZ	neg	0,46	0,44	0,33	0,32	beta-lactamase
	POS	0,55	0,56	0,67	0,68	
blaI	neg	0,46	0,44	0,33	0,32	beta lactamase repressor (inhibitor)
	POS	0,55	0,56	0,67	0,68	
blaR	neg	0,46	0,44	0,33	0,32	beta-lactamase regulatory protein
	POS	0,55	0,56	0,67	0,68	
erm(A)	neg	1,00	0,98	1,00	1,00	rRNA adenine N-6-methyltransferase, erythromycin/clindamycin resistance
	POS	0,00	0,02	0,00	0,00	
erm(B)	neg	0,98	1,00	1,00	1,00	erythromycin/clindamycin resistance
	POS	0,02	0,00	0,00	0,00	
erm(C)	neg	1,00	1,00	1,00	0,98	erythromycin/clindamycin resistance
	POS	0,00	0,00	0,00	0,02	

lnu(A)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	lincosamid-nucleotidyltransferase
msr(A)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	energy-dependent efflux of erythromycin
mef(A)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	macrolide efflux protein A
mph(C)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	probable lysylphosphatidylglycerol synthetase
vat(A)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	virginiamycin A acetyltransferase
vat(B)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	acetyltransferase inactivating streptogramin A
vga(A)	neg	0,93	0,98	0,97	1,00	ATP-binding protein, streptogramin A resistance
	POS	0,07	0,02	0,03	0,00	
vga(A) (BM 3327)	neg	0,66	0,96	1,00	0,92	
	POS	0,34	0,04	0,00	0,09	
vgB(A)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	virginiamycin B hydrolase
aacA-aphD	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	bifunctional enzyme Aac/Aph, gentamicin resistance
	neg	0,96	1,00	1,00	1,00	aminoglycoside
aadD	POS	0,05	0,00	0,00	0,00	adenyltransferase, tobramycin resistance
	neg	1,00	0,98	1,00	0,98	3'5'-aminoglycoside
aphA3	POS	0,00	0,02	0,00	0,02	phosphotransferase, neo-/kanamycin resistance
	neg	1,00	0,98	1,00	0,98	streptothricine acetyltransferase
	POS	0,00	0,02	0,00	0,02	
dfrS1	neg	0,86	1,00	1,00	1,00	dihydrofolate reductase type 1
	POS	0,14	0,00	0,00	0,00	
far1	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	fusidic acid resistance
fusC (Q6GD50)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	hypothetical protein associated with fusidic acid resistance
mupA	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	mupirocin resistance protein
	neg	1,00	0,96	0,94	1,00	tetracycline resistance
	POS	0,00	0,04	0,06	0,00	
tet(M)	neg	0,59	0,96	1,00	0,92	
	POS	0,41	0,04	0,00	0,09	
	neg	0,96	1,00	1,00	1,00	chloramphenicol acetyltransferase
	POS	0,05	0,00	0,00	0,00	
cat (pC221)	neg	0,96	1,00	1,00	1,00	
	POS	0,05	0,00	0,00	0,00	
cat (pc223)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
cat (pMC524/pC194)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
cat (pSBK203R)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
cfr	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	23S rRNA methyltransferase
	neg	0,93	1,00	1,00	1,00	chloramphenicol/florfenicol exporter
	POS	0,07	0,00	0,00	0,00	
	neg	0,55	0,53	0,15	0,28	metallothiol transferase
	POS	0,43	0,47	0,85	0,72	
	neg	1,00	1,00	1,00	0,98	quaternary ammonium compound resistance protein A
	POS	0,00	0,00	0,00	0,02	
qacC (total)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	quaternary ammonium compound resistance protein C
qacC (consensus)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	

qacC (equine)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
qacC (SA5)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
qacC (Ssap)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
qacC (ST94)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
sdrM	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	Transport-/Effluxprotein
vanA	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	vancomycin resistance gene vancomycin resistance gene from enterococci and Clostridium teicoplanin resistance gene from enterococci
vanB	neg	1,00	0,96	1,00	1,00	
vanB	POS	0,00	0,04	0,00	0,00	
vanZ	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
tst1 (consensus)	neg	0,93	0,91	1,00	1,00	toxic shock syndrome toxin 1
	POS	0,07	0,09	0,00	0,00	
tst1 ("human" allele)	neg	0,96	0,96	1,00	1,00	
	POS	0,02	0,02	0,00	0,00	
tst1 ("bovine" allele)	neg	0,98	0,96	1,00	1,00	
	POS	0,02	0,04	0,00	0,00	
sea	neg	0,93	0,89	0,79	0,70	enterotoxin A
	POS	0,07	0,11	0,21	0,30	
sea (N315) / sep	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
seb	neg	0,98	0,98	1,00	1,00	enterotoxin B
	POS	0,00	0,02	0,00	0,00	
sec	neg	0,93	0,91	1,00	1,00	enterotoxin C
	POS	0,07	0,09	0,00	0,00	
sed	neg	0,86	0,82	0,64	0,53	enterotoxin D
	POS	0,09	0,18	0,36	0,47	
see	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	enterotoxin E
seg	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	enterotoxin G
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
seh	neg	0,96	0,98	1,00	0,91	enterotoxin H
	POS	0,05	0,02	0,00	0,09	
sei	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	enterotoxin I
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
sej	neg	0,91	0,84	0,64	0,53	enterotoxin J
	POS	0,09	0,16	0,36	0,47	
sek	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	enterotoxin K
sel	neg	0,93	0,91	1,00	1,00	enterotoxin L
	POS	0,07	0,09	0,00	0,00	
selm	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	enterotoxin M
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
seln (consensus)	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	enterotoxin N
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
seln (other than RF122)	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
selo	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	enterotoxin O
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
egc (total)	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	egc cluster
	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
seq	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	enterotoxin Q
ser	neg	0,91	0,84	0,64	0,53	enterotoxin R
	POS	0,09	0,16	0,36	0,47	
selu	neg	0,73	0,84	0,76	1,00	enterotoxin U and/or Y

	POS	0,27	0,16	0,24	0,00	
ORF CM14	neg	0,89	0,80	0,85	1,00	enterotoxin-like protein ORF CM14
	POS	0,11	0,20	0,15	0,00	
lukF	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	haemolysin gamma /leukocidin, component B
lukS	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	haemolysin gamma /leukocidin, component C
hlgA	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	haemolysin gamma, component A
lukF-PV	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	Panton Valentine leukocidin, F component
lukS-PV	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	Panton Valentine leukocidin, S component
lukF-PV (P83)	neg	0,73	0,78	0,91	1,00	F component from hypothetical leukocidin from ruminants
	POS	0,27	0,22	0,09	0,00	
lukM	neg	0,75	0,78	0,91	1,00	S component from hypothetical leukocidin from ruminants
	POS	0,25	0,22	0,09	0,00	
lukD	neg	0,43	0,09	0,03	0,09	leukocidin, D component
	POS	0,57	0,91	0,97	0,92	
lukE	neg	0,43	0,13	0,00	0,09	leukocidin, E component
	POS	0,57	0,87	1,00	0,92	
lukX	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	leukocidin/haemolysin toxin family protein
lukY	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	leukocidin/haemolysin toxin family protein
lukY (ST30+ST45)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
hl	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	putative membrane protein
hla	neg	0,00	0,00	0,00	0,06	haemolysin alpha
	POS	1,00	1,00	1,00	0,94	
hlIII (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	putative membrane protein
	neg	0,25	0,20	0,09	0,00	
	POS	0,75	0,80	0,91	1,00	
hlb probe 1, 2	neg	0,36	0,11	0,00	0,09	haemolysin beta
	POS	0,61	0,89	1,00	0,92	
hlb probe 3	neg	0,41	0,09	0,09	0,09	
	POS	0,59	0,91	0,91	0,92	
un-disrupted hlb	neg	0,14	0,09	0,09	0,26	
	POS	0,86	0,91	0,91	0,75	
sak	neg	0,93	0,89	0,76	0,68	staphylokinase
	POS	0,07	0,11	0,24	0,32	
chp	neg	1,00	1,00	0,97	1,00	chemotaxis inhibiting protein
	POS	0,00	0,00	0,03	0,00	
scn	neg	0,93	0,89	0,76	0,68	staphylococcal complement inhibitor
	POS	0,07	0,11	0,24	0,32	
etA	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	exfoliative toxin A
etB	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	exfoliative toxin B
etD	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	exfoliative toxin D
edinA	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	epidermal cell differentiation inhibitor A
edinB	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	epidermal cell differentiation inhibitor B
edinC	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	epidermal cell differentiation inhibitor C
ACME (total)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	ACME locus

arcA-SCC	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	ACME locus ACME locus: ornithincarbamoyltransferase ACME locus: carbamatkinase ACME locus: arginine/ornithine antiporter
arcB-SCC	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
arcC-SCC	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
arcD-SCC	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
aur (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	aureolysin
aur (other than MRSA252)	neg	0,36	0,09	0,00	0,09	
	POS	0,64	0,91	1,00	0,92	
aur (MRSA252)	neg	0,64	0,91	1,00	0,92	
	POS	0,36	0,09	0,00	0,09	
splA	neg	0,39	0,09	0,00	0,09	serin-protease A
	POS	0,61	0,91	1,00	0,92	
splB	neg	0,36	0,09	0,00	0,09	serin-protease B
	POS	0,64	0,91	1,00	0,92	
splE	neg	0,75	0,36	0,27	0,21	serin-protease E
	POS	0,25	0,64	0,73	0,79	
sspA	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	glutamylendopeptidase
sspB	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	staphopain B, protease
sspP (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	staphopain A, protease
sspP (other than ST93)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
setC	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	staphylococcal exotoxin-like protein
ssl01/set6 probe1 11	neg	0,48	0,44	0,46	0,28	staphylococcal superantigen-like protein 1
	POS	0,52	0,56	0,55	0,72	
ssl01/set6 probe2 11	neg	0,73	0,89	0,79	0,83	
	POS	0,27	0,11	0,21	0,17	
ssl01/set6 probe2 12	neg	0,64	0,82	0,85	0,89	
	POS	0,36	0,18	0,15	0,11	
ssl01/set6 probe4 11	neg	0,43	0,38	0,18	0,21	
	POS	0,55	0,60	0,82	0,79	
ssl01/set6 probeRF122	neg	0,66	0,62	0,82	0,89	
	POS	0,25	0,36	0,18	0,11	
ssl01/set6 (COL)	neg	0,84	0,53	0,58	0,38	
	POS	0,16	0,47	0,42	0,62	
ssl01/set6 (MW2+MSS A476)	neg	0,80	0,93	1,00	0,89	
	POS	0,21	0,07	0,00	0,11	
ssl01/set6 (MRSA252)	neg	0,98	0,96	0,88	0,94	
	POS	0,02	0,04	0,12	0,06	
ssl01/set6 (RF122)	neg	0,82	0,76	0,88	0,89	
	POS	0,18	0,24	0,12	0,11	
ssl01/set6 (other alleles)	neg	0,91	0,91	0,76	1,00	
	POS	0,09	0,09	0,24	0,00	
ssl02/set7	neg	0,23	0,09	0,00	0,09	staphylococcal superantigen-like protein 2
	POS	0,71	0,91	1,00	0,92	
ssl03/set8 probe 1	neg	0,41	0,13	0,00	0,09	staphylococcal superantigen-like protein 3
	POS	0,57	0,87	1,00	0,92	
ssl03/set8 (MRSA252, SAR0424)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
ssl04/set9	neg	0,43	0,20	0,09	0,09	

ssl04/set9 (MRSA252, SAR0425)	POS	0,55	0,80	0,88	0,92	staphylococcal superantigen-like protein 4
	neg	0,59	0,91	1,00	0,89	
	POS	0,27	0,09	0,00	0,09	
ssl05/set3 probe 1 ssl05/set3 (MRSA252)	neg	0,68	0,29	0,12	0,11	staphylococcal superantigen-like protein 5
	POS	0,32	0,71	0,88	0,89	
	neg	0,61	0,91	1,00	0,92	
	POS	0,39	0,09	0,00	0,09	
ssl06/set21	neg	0,73	0,47	0,55	0,28	staphylococcal superantigen-like protein 6
	POS	0,27	0,53	0,46	0,72	
ssl08/set12 probe 1, 2	neg	0,43	0,16	0,00	0,09	staphylococcal superantigen-like protein 8
	POS	0,57	0,84	1,00	0,92	
ssl09/set5 probe 1, 2 ssl09/set5 (MRSA252)	neg	0,43	0,13	0,15	0,11	staphylococcal superantigen-like protein 9
	POS	0,57	0,87	0,85	0,89	
	neg	0,64	0,91	1,00	0,92	
	POS	0,36	0,09	0,00	0,09	
ssl11/set2 (COL) ssl11+set2(M u50+N315) ssl11+set2(M W2+MSSA4 76) ssl11/set2 (MRSA252)	neg	0,91	0,53	0,58	0,36	staphylococcal superantigen-like protein 11
	POS	0,09	0,47	0,42	0,64	
	neg	1,00	1,00	0,88	1,00	
	POS	0,00	0,00	0,12	0,00	
	neg	0,86	0,87	0,91	0,92	
	POS	0,14	0,13	0,09	0,09	
setB1 setB2 setB2 (MRSA252) setB3 setB3 (MRSA252)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	staphylococcal exotoxin-like protein, 2nd locus
	neg	0,39	0,09	0,00	0,13	
	POS	0,61	0,91	1,00	0,87	
	neg	0,64	0,91	1,00	0,92	
	POS	0,36	0,09	0,00	0,09	
	neg	0,36	0,09	0,00	0,09	
cap 1 (total) capH1 capJ1 capK1	neg	0,96	1,00	1,00	1,00	capsule type 1 capsular polysaccharide synthesis enzyme O antigen polymerase capsular polysaccharide biosynthesis protein
	POS	0,05	0,00	0,00	0,00	
	neg	0,96	1,00	1,00	1,00	
	POS	0,05	0,00	0,00	0,00	
	neg	0,93	1,00	1,00	1,00	
	POS	0,07	0,00	0,00	0,00	
cap 5 (total) capH5 capJ5 capK5	neg	0,30	0,31	0,15	0,11	capsule type 5 capsular polysaccharide synthesis enzyme O antigen polymerase capsular polysaccharide biosynthesis protein
	POS	0,71	0,69	0,85	0,89	
	neg	0,30	0,31	0,15	0,11	
	POS	0,71	0,69	0,85	0,89	
	neg	0,30	0,31	0,15	0,11	
	POS	0,71	0,69	0,85	0,89	
cap 8 (total) capH8 capI8 capJ8	neg	0,71	0,69	0,85	0,89	capsule type 8 capsular polysaccharide synthesis enzyme capsular polysaccharide biosynthesis protein O antigen polymerase
	POS	0,30	0,31	0,15	0,11	
	neg	0,71	0,69	0,85	0,89	
	POS	0,30	0,31	0,15	0,11	
	neg	0,71	0,69	0,85	0,89	
	POS	0,30	0,31	0,15	0,11	

capK8	POS	0,30	0,31	0,15	0,11	capsular polysaccharide biosynthesis protein
	neg	0,71	0,69	0,85	0,89	
	POS	0,30	0,31	0,15	0,11	
icaA	neg	0,02	0,07	0,03	0,00	intercellular adhesion protein A
	POS	0,98	0,93	0,97	1,00	
icaC	neg	0,02	0,09	0,06	0,00	intercellular adhesion protein C
	POS	0,98	0,91	0,94	1,00	
icaD	neg	0,02	0,09	0,06	0,00	intercellular adhesion protein D
	POS	0,98	0,91	0,94	1,00	
bap	neg	0,96	1,00	0,88	0,96	surface protein involved in biofilm formation
	POS	0,05	0,00	0,12	0,04	
bbp (total)	neg	0,09	0,20	0,15	0,21	bone sialoprotein-binding protein
	POS	0,91	0,80	0,85	0,79	
bbp (consensus)	neg	0,11	0,22	0,21	0,23	
	POS	0,89	0,78	0,79	0,77	
bbp (MRSA252)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
	POS	0,89	0,89	0,91	1,00	
bbp (RF122)	neg	0,89	0,89	0,91	1,00	
	POS	0,09	0,11	0,09	0,00	
clfA (total)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	clumping factor A
	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
clfB (total)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	clumping factor B
	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
clfB (consensus)	neg	0,86	0,53	0,46	0,36	
	POS	0,09	0,47	0,55	0,64	
clfB (COL+Mu50)	neg	0,55	0,89	0,79	0,81	
	POS	0,46	0,11	0,21	0,19	
clfB (MW2)	neg	0,52	0,71	0,94	0,83	
	POS	0,48	0,29	0,06	0,17	
cna	neg	0,52	0,71	0,94	0,83	collagen-binding adhesin
	POS	0,48	0,29	0,06	0,17	
ebh (consensus)	neg	0,00	0,00	0,15	0,02	cell wall associated fibronectin-binding protein
	POS	1,00	1,00	0,85	0,98	
ebpS (total)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	cell surface elastin-binding protein
	neg	0,43	0,09	0,00	0,09	
ebpS probe 612	POS	0,57	0,91	1,00	0,92	
	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
ebpS probe 614	neg	0,57	0,91	1,00	0,92	
	POS	0,43	0,09	0,00	0,09	
ebpS (01-1111)	neg	0,43	0,44	0,27	0,21	
	POS	0,57	0,56	0,73	0,79	
ebpS (COL)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
eno	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	enolase
fib	neg	0,36	0,09	0,00	0,09	fibrinogen-binding protein
	POS	0,64	0,91	1,00	0,92	
fib (MRSA252)	neg	0,64	0,91	1,00	0,92	
	POS	0,36	0,09	0,00	0,09	
fnbA (total)	neg	0,00	0,02	0,00	0,00	fibronectin-binding protein A
	POS	1,00	0,98	1,00	1,00	
fnbA (consensus)	neg	0,00	0,02	0,00	0,00	
	POS	1,00	0,98	1,00	1,00	
fnbA (COL)	neg	0,75	0,51	0,30	0,30	
	POS	0,25	0,49	0,70	0,70	
fnbA (MRSA252)	neg	0,93	1,00	0,97	0,98	
	POS	0,07	0,00	0,03	0,02	

fnbA (Mu50+MW2)	neg	0,96	0,98	0,88	0,92	fibronectin-binding protein B
	POS	0,05	0,02	0,12	0,09	
fnbA (RF122)	neg	0,91	0,89	0,91	1,00	
	POS	0,09	0,11	0,09	0,00	
fnbB (total)	neg	0,18	0,18	0,30	0,06	
	POS	0,82	0,82	0,70	0,94	
fnbB (COL)	neg	0,96	0,53	0,58	0,38	
	POS	0,05	0,47	0,42	0,62	
fnbB (MW2)	neg	0,93	0,96	0,94	0,89	
	POS	0,07	0,04	0,06	0,11	
fnbB (ST15)	neg	0,93	1,00	0,97	1,00	
	POS	0,07	0,00	0,03	0,00	
fnbB (ST45-2)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
sasG (total)	neg	0,48	0,20	0,36	0,17	Staphylococcus aureus surface protein G
	POS	0,52	0,80	0,64	0,83	
sasG (COL+Mu50)	neg	0,68	0,27	0,36	0,26	
	POS	0,32	0,73	0,64	0,75	
sasG (other than MRSA252+RF122)	neg	0,59	0,20	0,36	0,17	
	POS	0,41	0,80	0,64	0,83	
sdrC (total)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	serine-aspartate repeat protein C
sdrC (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
sdrC (COL)	neg	0,77	0,44	0,58	0,36	
	POS	0,23	0,56	0,42	0,64	
sdrC (Mu50)	neg	0,43	0,71	0,52	0,72	
	POS	0,57	0,29	0,49	0,28	
sdrC (other than MRSA252+RF122)	neg	0,61	0,29	0,09	0,09	
	POS	0,39	0,71	0,91	0,92	
sdrD (total)	neg	0,23	0,27	0,39	0,23	serine-aspartate repeat protein D
	POS	0,77	0,73	0,61	0,77	
sdrD (consensus)	neg	0,23	0,27	0,39	0,23	
	POS	0,77	0,73	0,61	0,77	
sdrD (COL+MW2)	neg	0,86	0,56	0,61	0,43	
	POS	0,14	0,44	0,39	0,57	
sdrD (other)	neg	0,93	1,00	0,97	1,00	
	POS	0,07	0,00	0,03	0,00	
vwb (total)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	van Willebrand factor- binding protein
vwb (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
vwb (COL+MW2)	neg	0,84	0,51	0,58	0,28	
	POS	0,16	0,49	0,42	0,72	
vwb (MRSA252)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
vwb (Mu50)	neg	0,93	1,00	0,85	1,00	
	POS	0,07	0,00	0,15	0,00	
vwb (RF122)	neg	0,82	0,67	0,85	0,89	
	POS	0,18	0,33	0,15	0,11	
mprF (COL+MW2)	neg	0,57	0,13	0,03	0,11	defensin resistance protein
	POS	0,43	0,87	0,82	0,89	

isdA (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	transferrin-binding protein
lmrP (other than RF122)_probe2 lmrP (RF122)_probe2	neg	0,25	0,29	0,15	0,00	hypothetical protein, similar to integral membrane protein LmrP
	POS	0,75	0,71	0,85	1,00	
	neg	0,75	0,71	0,85	1,00	
	POS	0,25	0,29	0,15	0,00	
hsdS1 (RF122)	neg	0,91	0,89	0,91	1,00	type I site-specific deoxyribonuclease subunit, 1st locus
	POS	0,09	0,11	0,09	0,00	
hsdS2 (Mu50+N315 +COL+USA3 00+NCTC83 25)	neg	0,84	0,49	0,46	0,34	type I site-specific deoxyribonuclease subunit, 2nd locus
	POS	0,16	0,51	0,55	0,66	
hsdS2 (RF122)	neg	0,91	0,89	0,91	1,00	type I site-specific deoxyribonuclease subunit, 3rd locus
	POS	0,09	0,11	0,09	0,00	
hsdS2 (MRSA252)	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	type I site-specific deoxyribonuclease subunit, unknown locus
hsdS3 (all other than RF122+ MRSA252)	neg	0,66	0,38	0,30	0,28	
hsdS3 (COL+USA3 00+NCTC83 25+MW2+M SSA476+RF1 22)	POS	0,27	0,62	0,70	0,72	
	neg	0,71	0,36	0,49	0,28	
hsdS3 (Mu50+N315)	POS	0,30	0,64	0,52	0,72	
	neg	0,96	1,00	0,61	0,94	
hsdS3 (MRSA252)	POS	0,05	0,00	0,39	0,06	
	neg	1,00	1,00	1,00	1,00	
hsdSx (etd)	neg	1,00	0,96	1,00	0,98	
	POS	0,00	0,04	0,00	0,02	
Q2FXC0	neg	0,86	0,51	0,58	0,26	hypothetical protein, located next to serine protease operon
	POS	0,14	0,49	0,42	0,75	
Q7A4X2	neg	0,57	0,58	0,70	0,89	hypothetical protein
	POS	0,43	0,42	0,30	0,11	
hysA1 (MRSA252)	neg	1,00	0,96	1,00	0,98	hyaluronate lyase, 1st/2nd locus
	POS	0,00	0,04	0,00	0,02	
hysA1 (MRSA252+ RF122) and/or hysA2 (consensus)	POS	1,00	1,00	1,00	1,00	
	neg	0,43	0,40	0,49	0,26	
hysA1 (MRSA252+ RF122) and/or hysA2 (COL+USA3 00)	POS	0,57	0,60	0,52	0,75	
	neg	0,43	0,40	0,49	0,26	

hysA2 (all other than MRSA252)	neg	0,73	0,40	0,36	0,28	hyaluronate lyase, 2nd locus
	POS	0,27	0,60	0,64	0,72	
hysA2 (COL+USA300+NCTC8325)	neg	0,43	0,33	0,49	0,26	
	POS	0,57	0,67	0,52	0,75	
hysA2 (all other than COL+USA300+NCTC8325)	neg	0,46	0,56	0,42	0,72	
	POS	0,55	0,44	0,58	0,28	
hysA2 (all other than COL+USA300+NCTC8325)	neg	0,46	0,56	0,42	0,72	
	POS	0,55	0,44	0,58	0,28	