

Table S1. Composition of vaginal communities found in women colonized by *S. aureus* tst+.

Phylotype ^a	Sample identity and group affiliation																						Total number of clones
	s10	s9	s4	s13	s40	s11	s36	s41	s50	s25	s44	s39	s7	s22	s29	s47	s48	s43	s51	s37	s5		
	Group 1	Group 2	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 3	Group 4	Group 4	Group 4	Group 4	Group 4	Group 4	Group 4	Other	Other		
<i>Lactobacillus iners</i>	83%	0%	0%	15%	52%	0%	0%	0%	1%	4%	0%	3%	92%	93%	83%	78%	100%	0%	89%	91%	96%	908	
<i>Atopobium vaginae</i>	0%	0%	82%	40%	0%	20%	25%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	9%	2%	0%	0%	185	
<i>Streptococcus anginosus</i>	0%	6%	0%	0%	0%	0%	0%	67%	22%	12%	0%	0%	6%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	119	
<i>Lactobacillus crispatus</i>	0%	76%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	17%	7%	0%	0%	0%	0%	0%	116	
<i>Lactobacillus jensenii</i>	9%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	87%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	5%	0%	103	
<i>Lactobacillus gasseri</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	5%	63%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	70	
<i>Streptococcus mitis</i>	0%	0%	0%	0%	0%	7%	0%	0%	5%	49%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	64	
<i>Sneathia sanguinegens</i>	0%	0%	0%	0%	0%	16%	27%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	12%	0%	0%	0%	59	
<i>Leptotrichia amnionii</i>	0%	0%	0%	9%	0%	7%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	25%	0%	0%	0%	43	
<i>Streptococcus agalactiae</i>	0%	0%	0%	0%	42%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	43	
<i>Anaerococcus tetradius</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	40%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	42	
<i>Prevotella sp.</i>	0%	0%	0%	12%	0%	19%	1%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	39	
<i>Staphylococcus aureus</i>	0%	4%	7%	0%	0%	0%	0%	8%	0%	1%	0%	6%	0%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	30	
<i>Prevotella bivia</i>	0%	0%	0%	5%	0%	6%	1%	5%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	8%	0%	0%	0%	29	
<i>Megasphaera sp.</i>	0%	0%	0%	2%	0%	0%	12%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	6%	6%	0%	0%	27	
<i>Clostridium sp.</i>	0%	0%	0%	5%	0%	7%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	14%	0%	0%	0%	26	
<i>Ureaplasma parvum</i>	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	17%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	0%	21	
<i>Staphylococcus sp.</i>	0%	1%	9%	0%	0%	0%	1%	7%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	19	
<i>Parvimonas micra</i>	0%	0%	0%	1%	0%	3%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	9%	0%	0%	0%	18	
<i>Streptococcus sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	9%	0%	0%	2%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	18	
<i>Prevotella buccalis</i>	0%	0%	0%	1%	0%	0%	15%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	17	
<i>Dialister sp.</i>	0%	1%	0%	1%	0%	9%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	1%	0%	0%	15	
<i>Veillonella montpellierensis</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	13%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	14	
<i>Lactobacillus aviarius</i>	0%	1%	0%	0%	2%	1%	0%	0%	0%	1%	0%	8%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	13	
<i>Alloscardovia omnicolens</i>	0%	4%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	11	
<i>Lactobacillus fornicalis</i>	7%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	8	
<i>Eggerthella sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5%	0%	0%	0%	7	
<i>Finegoldia magna</i>	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	7	
<i>Fusobacterium gonidiaformans</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	6%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	7	
<i>Ralstonia pickettii</i>	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	7	
<i>Lactobacillus vaginalis</i>	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	6	
<i>Megasphaera cerevisiae</i>	0%	0%	0%	3%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	6	
<i>Aerococcus christensenii</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5	
<i>Gardnerella vaginalis</i>	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	5	
<i>Lachnobacterium bovis</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5	
<i>Lactobacillus sp.</i>	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5	
<i>Peptoniphilus sp.</i>	0%	0%	0%	1%	0%	0%	2%	0%	1%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5	
<i>Peptostreptococcus sp.</i>	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	4%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5	
<i>Ralstonia sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	5	
<i>Gemella haemolysans</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4	
Novel bacterium	0%	0%	0%	2%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4	
<i>Anaerococcus octavius</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	3	
<i>Dialister microaerophilus</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	3	
<i>Megasphaera elsdenii</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	3	
<i>Anaerococcus lactolyticus</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Anaerococcus prevotii</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Eubacterium sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Gemella palaticanis</i>	0%	0%	0%	1%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Howardella sp.</i>	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Lactobacillus hamsteri</i>	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Methylobacteriaceae bacterium</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2	
<i>Brevibacterium sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Corynebacterium pseudogenitalium</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	1	
<i>Dialister propionificiens</i>	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Erythrobacter sp.</i>	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Escherichia coli</i>	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Escherichia sp.</i>	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Facklamia hominis</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Friedmanniella sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Helcococcus sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Lachnospiraceae genomosp</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	1	
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Lactobacillus manihotivorans</i>	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Mobiluncus curtisii</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	1	
<i>Moryella sp.</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	1	
<i>Pediococcus sp.</i>	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Selenomonas sp.</i>	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	
<i>Sphingomonas rhizophages</i>	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1	

^a Each sequence from the clone library was compared to the RDP II database (<http://www.ibest.uidaho.edu/wiki/index.php/HITSA>), using the BLAST algorithm. The classification of clones was done by comparing their 16S rRNA gene sequences to those of known organisms. The genus and species names were used if the sequence similarity to a type species was >97%; the genus name only was used if the sequence similarity was <97% but >90%; and a clone was designated as novel if the sequence similarity to known organisms was <90%.