

Table 2: Description of the plasmids present in the 8 ETEC reference strains.

	Plasmid	Length (bp)	GC (%)	Inc ^a	Plasmid features (no of copies)	Virulence genes	Putative virulence genes	Antibiotic resistance profile (genomic)	Acc. no
L1 E925 CS1+CS3+CS21 LTh+STh	pAvM_E925_4	116 803	48.4	FII	<i>ccdAB</i> , <i>hok-sok</i> (antisense RNA-regulated system), <i>psiAB</i> , <i>repAB</i> , <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes	<i>cstA-G</i> (CS3), <i>eltAB1</i> (LTh), <i>estA3/4</i> (STh)	<i>etpBAC</i>	-	LR883051
	pAvM_E925_5	82 909	48.6	FII + FIB	<i>psiAB</i> , <i>repA</i> (2), <i>repB</i> , <i>repE</i> , <i>parB</i> , <i>sopAB</i> , <i>tra</i> genes	<i>lngX1</i> , <i>R</i> , <i>S</i> , <i>T</i> , <i>X2</i> , <i>A-J</i> , <i>P</i> (CS21)	-	-	LR883052
	pAvM_E925_6	82 314	47.8	I1	<i>iib</i> (colicin 1b), <i>repA</i> , <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes, <i>pil</i> locus, <i>vapBC</i>	<i>cooB</i> , <i>A</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CS1)	<i>cexE</i>	-	LR883053
	pAvM_E925_7	51 418	45.4	FII	<i>ccdAB</i> , <i>psiA</i> , <i>repAB</i> , <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes	-	<i>eata_1-5</i> (two disrupted <i>eata</i> copies)	-	LR883054
L2 E1649 CS2*+CS3+CS21 LTh+STh	pAvM_E1649_8	120 141	47.2	FII	<i>ccdAB</i> (duplicated), <i>hok-sok</i> (antisense RNA-regulated system), <i>psiAB</i> , <i>repAB</i> , <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes	<i>cstA-G</i> (CS3), <i>eltAB1</i> (LTh), <i>estA3/4</i> (STh)	<i>eata</i> , <i>etpBAC</i>	-	LR882976
	pAvM_E1649_9*	102 017	47.6	Y	P1 addiction system (phage related), <i>repA</i> , <i>sopAB</i>		-	-	LR882977
	pAvM_E1649_10	86 517	45.0	FII+FIB	<i>hok-sok</i> (antisense RNA-regulated system), <i>psiAB</i> , <i>repA</i> (2), <i>repB</i> , <i>sopAB</i> , <i>tra</i> genes	<i>lngX1</i> , <i>R</i> , <i>S</i> , <i>T</i> , <i>X2</i> , <i>A-J</i> , <i>P</i> (CS21)	-	-	LR882974
	pAvM_E1649_11*	8 834	42.9	No hits	ND	-	-	-	LR882975
L3 E36 CFA/I+CS21 LTh+STh	pAvM_E36_12*	381 858	49.7	FII + FIB	<i>stbAB</i> (4), <i>psiAB</i> (6), <i>tra</i> genes, <i>repA</i> (3), <i>repB</i> (3), <i>sopAB</i> (2), <i>hok-sok</i> (antisense RNA-regulated system), <i>relE</i>	<i>cfaA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CFA/I), <i>eltAB15</i> (LTh), <i>lngX1</i> , <i>R</i> , <i>S</i> , <i>T</i> , <i>X2</i> , <i>A-J</i> , <i>P</i> (CS21), <i>estA2</i> (STh)	<i>eata</i> , <i>etpBAC</i>	-	LR882998
	pAvM_E36_13	99 448	51.6	B/O/K/Z	<i>stbAB</i> , <i>relE</i> , <i>repA</i> , <i>pil</i> genes, <i>psiAB</i>	-	-	<i>tetA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>R</i> <i>mdf(A)</i> -like	LR882999
L3 E2980 CS7 LTh	pAvM_E2980_14	112 056	48.1	I1	<i>parA</i> , <i>pil</i> genes, <i>relE</i> , <i>repA</i> , <i>stbAB</i>	<i>csvA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CS7), <i>eltAB</i> (LTh)	<i>cexE</i>	-	LR882979
	pAvM_E2980_15	72 255	52.4	FII	<i>psiAB</i> , <i>relE</i> , <i>repAB</i> , <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes	-	-	<i>strA</i> , <i>strB</i> , <i>sul2</i> , <i>blaTEM-1B</i>	LR882980
	pAvM_E2980_16	48 305	50.3	I1-like	<i>stbAB</i> , <i>repA</i> , <i>vapBC</i> (TA-system)	-	<i>eata</i> , <i>etpBAC</i>	-	LR882981

L4 E1441 CS6+CS21 LTh (LT17)	pAvM_E1441_17	130 302	51.3	FII + FIB	<i>pemI/K</i> (TA-system), <i>psiAB</i> , <i>repA</i> (2), <i>repB</i> , <i>sopAB</i> , <i>srnAC</i> (antisense RNA-regulated system), <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes	<i>lngX1</i> , <i>R</i> , <i>S</i> , <i>T</i> , <i>X2</i> , <i>A-J</i> , <i>P</i> (CS21)	-	<i>aadA1</i> , <i>tetR</i> , <i>tetA</i> , <i>sul1</i> , <i>dfrh1</i>	LR883013
	pAvM_E1441_18	94 840	47.1	FII	<i>parB</i> , <i>psiAB</i> , <i>repAB</i> , <i>stbAB</i>	<i>cssA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CS6), <i>eltAB17</i> (LTh)	<i>etaA_1</i> , <i>eata_2</i> , <i>cexE</i>	-	LR883014
L5 E1779 CS5+CS6 LTh+STh	pAvM_E1779_19	142 377	47.6	FII	<i>ccdAB</i> (TA-system), <i>cea/cia</i> (Colicin E), <i>psiAB</i> , <i>repAB</i> , <i>stbAB</i> (2 copies), <i>tra</i> genes, <i>vapBC</i> (TA-system)	<i>csfA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>E</i> , <i>F</i> , <i>D</i> (CS5), <i>cssA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CS6), <i>estA3/4</i> (STh)	<i>eata_1</i> , <i>eata_2</i>	-	LR883008
	pAvM_E1779_20	88 759	51.8	FII	<i>hok-sok</i> (antisense RNA-regulated system), <i>psiAB</i> , <i>tra</i> genes, <i>repAB</i> , <i>stbAB</i>	<i>eltAB15</i> (LTh)	-	-	LR883009
	pAvM_E1779_21	82 464	51.0	FIIY	<i>repA</i> (2), <i>repB</i> , <i>tra</i> genes, <i>psiAB</i> , <i>parB</i> , <i>sopAB</i>	-	-	-	LR883010
	pAvM_E1779_22	61 528	50.5	FII	<i>repAB</i> , <i>tra</i> genes	-	-	-	LR883011
L6 E562 CFA/I+CS21 STh	pAvM_E562_23	109 853	50.5	II (+ FII)	<i>parB</i> , <i>psiAB</i> , <i>stbAB</i> , <i>pil</i> genes, <i>tra</i> genes	-	<i>eata</i> , <i>etpBAC</i>	-	LR883001
	pAvM_E562_24	86 655	48.6	FII + FIB	<i>psiAB</i> , <i>repA</i> (2), <i>repB</i> , <i>stbAB</i> , <i>tra</i> genes	<i>lngX1</i> , <i>R</i> , <i>S</i> , <i>T</i> , <i>X2</i> , <i>A-J</i> , <i>P</i> (CS21)	-	-	LR883002
	pAvM_E562_25*	81 468	46.7	FII	<i>psiAB</i> (truncated <i>psiA</i>) <i>relE/B</i> (toxin-antitoxin system), <i>repAB</i> , <i>stbAB</i> , <i>sopAB</i>	<i>cfaA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CFA/I), <i>estA2</i> (STh)	-	-	LR883003
	pAvM_E562_26	88 318	52.9	B/O/K/Z	<i>pil</i> genes, <i>pndAC</i> (antisense RNA-regulated system) <i>psiAB</i> , <i>relE</i> , <i>repA</i> , <i>tra</i> genes	-	-	-	LR883004
	pAvM_E562_27*	83 375	40.0	FII	<i>hok-sok</i> (antisense RNA-regulated system), <i>pemI/pemK</i> (TA system), <i>psiAB</i> , <i>parB</i> , <i>repAB</i> , <i>tra</i> genes	-	-	<i>blaTEM-1b</i> , <i>tetAR</i> , <i>merRTPCAD E</i> (Tn21)	LR883005
L7 E1373 CS6 STp	pAvM_E1373_28	146 433	46.1	FII + FIB	<i>parB</i> , <i>psiAB</i> , <i>relE</i> , <i>repA</i> (2), <i>repB</i>	<i>cssA</i> , <i>B</i> , <i>C</i> , <i>D</i> (CS6), <i>estA5</i> (STp), CS8-like gene cluster, <i>fae</i> -related genes	-	-	LR882991
	pAvM_E1373_29	109 318	46.4	FIB	<i>parB</i> , <i>parB-like</i> , <i>repA</i>	-	-	-	LR882992

^aIncompatibility groups were determined by PlasmidFinder [34] and pMLST [34] for subtyping.

*Plasmids not circularised