

**Supplementary Table S4. Frequency of genotypes in *H. pylori* strains isolated from the study subjects before the administration of STT.**

Patient	Gene	Frequency (%)	Genotype	Frequency (%)
1B	<i>cagA</i> +	81	<i>cagA</i> + <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> + <i>m2</i> +*	54
	<i>s1</i> +	100	<i>cagA</i> + <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> - <i>m2</i> -	9
	<i>m1</i> +	27	<i>cagA</i> + <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> +*	18
	<i>m1</i> + <i>m2</i> +	54	<i>cagA</i> - <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> - <i>m2</i> -	9
	<i>m1</i> - <i>m2</i> -	18	<i>cagA</i> - <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> +*	9
5B	<i>cagA</i> +	90	<i>cagA</i> + <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> + <i>m2</i> +	50
	<i>s1</i> +	70		
	<i>s2</i> +	30	<i>cagA</i> + <i>vacAs1</i> + <i>m2</i> +	20
	<i>m1</i> +	10	<i>cagA</i> + <i>vacAs2</i> + <i>m1</i> + <i>m2</i> +*	10
	<i>m2</i> +	30	<i>cagA</i> + <i>vacAs2</i> + <i>m1</i> +	10
	<i>m1</i> + <i>m2</i> +	60	<i>cagA</i> - <i>vacAs2</i> + <i>m2</i> +	10
6B	<i>cagA</i> +	66	<i>cagA</i> + <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> +	58
	<i>s1</i> +	92	<i>cagA</i> + <i>vacAs2</i> + <i>m1</i> + <i>m2</i>	8
	<i>m1</i> +	66	<i>cagA</i> - <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> + <i>m2</i> +	26
	<i>m1</i> + <i>m2</i> +	34	<i>cagA</i> - <i>vacAs1</i> + <i>m1</i> +	8

**B:** Pre-treatment patient.

\*: Genotypes observed in more than one patient.

*cagA*: cytotoxin CagA gene; *vacA*: vacuolating cytotoxin VacA gene.

*s*: signal-sequence region (*s*-region); *m*: mid-region (*m*-region).