

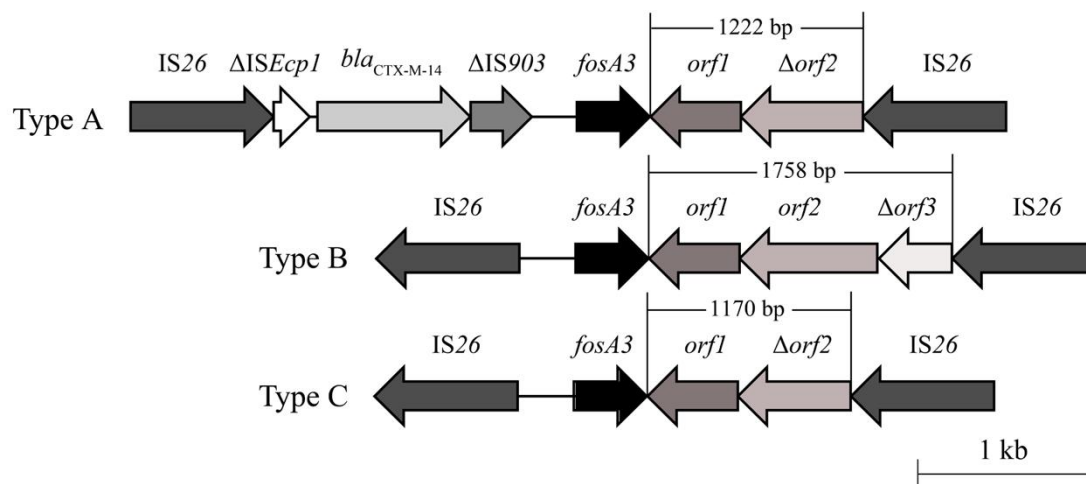
Supplementary Materials

Supplementary Table S1 Primers used for PCR in this study

Target	Primer name	Sequence (5'-3')	Size (bp)
<i>fosA3</i>	<i>fosA3</i> -F	GCGTCAAGCCTGGCATT	282
	<i>fosA3</i> -R	GCCGTCAGGGTCGAGAAA	
<i>bla</i> _{CTX-M-1G}	<i>bla</i> _{CTX-M-1G} -F	CTTCCAGAATAAGGAATCCC	949
	<i>bla</i> _{CTX-M-1G} -R	CGTCTAAGGCGATAAACAAA	
<i>bla</i> _{CTX-M-9G}	<i>bla</i> _{CTX-M-9G} -F	TGACCGTATTGGGAGTTTG	902
	<i>bla</i> _{CTX-M-9G} -R	ACCAGTTACAGCCCTTCG	
<i>bla</i> _{CMY-2}	<i>bla</i> _{CMY-2} -F	CACTCAAGGATGTATTGTG	1143
	<i>bla</i> _{CMY-2} -R	TTAGCGTTGCCAGTGCTCG	
<i>armA</i>	<i>armA</i> -F	CAATCAGGGGCAGTTATCA	529
	<i>armA</i> -R	CCCTATAACCTTCGAATC	
<i>rmtB</i>	<i>rmtB</i> -F	ACATCAACGATGCCCTCAC	725
	<i>rmtB</i> -R	AAGTTCTGTTCCGATGGTC	
<i>mcr-1</i>	<i>mcr-1</i> -F	CGGTCAGTCCGTTTGTTT	309
	<i>mcr-1</i> -R	CTTGGTCGGTCTGTAGGG	
<i>floR</i>	<i>floR</i> -F	CTGAGGGTGTCGTCATCTAC	673
	<i>floR</i> -R	GCTCCGACAATGCTGACTAT	
IS26- <i>fosA3</i>	IS26- <i>fosA3</i> -F	GCACGCATCACCTCAATACC	Unknown
	IS26- <i>fosA3</i> -R	TCATCCAGCGACAAGCACA	
<i>fosA3</i> -IS26	<i>fosA3</i> -IS26-F	GGGGCTGAGGTATGGAAAGA	Unknown
	<i>fosA3</i> -IS26-R	AGGAGATGCTGGCTGAACG	

Supplementary Table S2 Genomic analysis of *fosA3*-positive *E. coli*

Isolate	Sequence type	Serotype	Antimicrobial resistance gene	Plasmid
XJW9B290	New	O101:H9	<i>bla</i> _{CTX-M-14} , <i>bla</i> _{CTX-M-55} , <i>aadA2</i> , <i>aph(3')-IIa</i> , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aph(4)-Ia</i> , <i>aph(6)-Id</i> , <i>aac(3)-IVa</i> , <i>rmtB</i> , <i>mdf(A)</i> , <i>mph(A)</i> , <i>fosA3</i> , <i>sul2</i> , <i>dfrA12</i> , <i>qepA1</i>	F18:A-:B1, IncI1, IncX1
XJW9B298	ST1431	O8:H30	<i>ant(3'')-Ia</i> , <i>aph(3')-Ia</i> , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aph(6)-Id</i> , <i>tet(A)</i> , <i>floR</i> , <i>lnu(F)</i> , <i>mdf(A)</i> , <i>fosA3</i> , <i>sul2</i> , <i>sul3</i> , <i>dfrA14</i> , <i>qnrS1</i> , <i>ARR-3</i>	F40:A-:B24, IncHI2, IncN1, IncY
XJW9B274	ST167	O101:H9	<i>bla</i> _{CTX-M-14} , <i>aadA2</i> , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aph(4)-Ia</i> , <i>aph(6)-Id</i> , <i>aac(3)-IVa</i> , <i>rmtB</i> , <i>tet(A)</i> , <i>floR</i> , <i>mdf(A)</i> , <i>mph(A)</i> , <i>fosA3</i> , <i>sul2</i> , <i>dfrA12</i> , <i>qepA1</i>	F18:A-:B1, IncI1
XJW9B277	ST167	O101:H9	<i>bla</i> _{CTX-M-14} , <i>bla</i> _{CTX-M-55} , <i>bla</i> _{TEM-1B} , <i>aadA2</i> , <i>aadA22</i> , <i>ant(3'')-Ia</i> , <i>aph(3')-Ia</i> , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aph(4)-Ia</i> , <i>aph(6)-Id</i> , <i>aac(3)-IId</i> , <i>aac(3)-IVa</i> , <i>rmtB</i> , <i>tet(A)</i> , <i>floR</i> ,	F18:A-:B1, IncI1, IncHI2-IncN1
XJW9B263	ST10	O101:H9	<i>bla</i> _{CTX-M-14} , <i>bla</i> _{TEM-1B} , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aph(6)-Id</i> , <i>aac(3)-IId</i> , <i>tet(A)</i> , <i>cmlA1</i> , <i>floR</i> , <i>mdf(A)</i> , <i>mph(A)</i> , <i>fosA3</i> , <i>sul2</i> , <i>dfrA14</i>	IncFIB, IncY
XJW9B285	ST10	O101:H9	<i>bla</i> _{CTX-M-14} , <i>bla</i> _{TEM-1B} , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aac(3)-IId</i> , <i>tet(A)</i> , <i>cmlA1</i> , <i>floR</i> , <i>mdf(A)</i> , <i>mph(A)</i> , <i>fosA3</i> , <i>sul2</i> , <i>dfrA14</i>	IncFIB, IncY



Supplementary Figure S1 Schematic of genetic context of *fosA3* gene

Branch length is drawn to scale. Spacer regions between 3' end of *fosA3* and *IS26* are 1 222 bp, 1 758 bp, and 1 170 bp, respectively.



Supplementary Figure S2 Wild birds (A) and their droppings (B) in cattle farm