

**Table S3 *In silico* multi-locus sequence typing of isolate genomes and organism metagenomes**

<b>Sample</b>	<b>Scheme</b>	<b>ST</b>	<b><i>gapA</i></b>	<b><i>infB</i></b>	<b><i>mdh</i></b>	<b><i>pgi</i></b>	<b><i>phoE</i></b>	<b><i>rpoB</i></b>	<b><i>tonB</i></b>
AUSMDU00008119	<i>kpneumoniae</i>	258	3	3	1	1	1	1	79
KP metaG	<i>kpneumoniae</i>	258	3	3	1	1	1	1	79
			<b><i>atpA</i></b>	<b><i>ddl</i></b>	<b><i>gdh</i></b>	<b><i>purK</i></b>	<b><i>gyd</i></b>	<b><i>pstS</i></b>	<b><i>adk</i></b>
VREfm WGS	<i>efaecium</i>	796	4	1	1	1	1	20	1
VREfm metaG	<i>efaecium</i>	555	4	1	1	1	1	1	1