Table S1 16S rDNA primer sequence information

Name	Sequence	bp Length
16S rDNA 27 F	5′ -AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3′	1 500
16S rDNA 1492 R	5′ -TACGGCTACCTTGTTACGACT-3′	

Table S2 Gene and primer sequence information of *Pseudomonas aeruginosa*

Gene	primer	Sequence(5′-3′)	bp Length
acsA	acsA-F	ACCTGGTGTACGCCTCGCTGAC	842
	acsA-R	GACATAGATGCCCTGCCCCTTGAT	
aroE	aroE-F	TGGGGCTATGACTGGAAACC	1056
	aroE-R	TAACCCGGTTTTGTGATTCCTACA	
guaA	guaA-F	CGGCCTCGACGTGTGGATGA	940
	guaA-R	GAACGCCTGGCTGGTCTTGTGGTA	
mutL	mutL-F	CCAGATCGCCGCCGGTGAGGTG	487
	mutL-R	CAGGGTGCCATAGAGGAAGTC	
nuoD	nuoD-F	ACCGCCACCCGTACTG	1024
	nuoD-R	TCTCGCCCATCTTGACCA	
ppsA	ppsA-F	GGTCGCTCGGTCAAGGTAGTGG	989
	ppsA-R	GGGTTCTCTTCTTCCGGCTCGTAG	
trpE	trpE-F	GCGGCCCAGGGTCGTGAG	811
	trpE-R	CCCGGCGCTTGTTGATGGTT	
exoS	exoS_F	TCAGCAGAGTCCGTCTTTCGCC	407
	exoS_R	GCCAGGCGGGAGTGCTCCCGG	
exoT	exoT_F	TCAGCAGAACCCGTCTTTCGT	407
	exoT_R	GCCAGGCGCGTGTGATCCTTC	
exoU	exoU_F	CCGTCGCAGGCAGCGCATAAGTCC	420
	exoU_R	GAACGCCGCCGGGCTCATACCTGA	
exoY	exoY_F	ACCATGCGTATCGACGGTCATC	323
	exoY_R	TTGCTGAGATGCTGGTCGACAC	
Pyo	Pyo_F	TGCCGGTACGACTCACGAGTG	231

	Pyo_R	GTTCTGGCTTCCTGGAGGGGT	
aprA	aprA_F	CAGACCCTGACCCACGAGAT	452
	aprA_R	CATTGCCCTTCAACCCG	
toxA	toxA_F	GGTAACCAGCTCAGCCACA	301
	toxA_R	TGCCTTCCCAGGTATCGT	
lasA	lasA_F	GCAGCACAAAAGATCCC	1075
	lasA_R	GAAATGCAGGTGCGGTC	
lasB	lasB_F	CGTCTCCTACCTGATTCCCG	413
	lasB_R	GCACCTTCATGTACAGCTTGTG	
plcH	plcH_F	GCACGTGGTCATCCTGATGC	608
	plcH_R	TCCGTAGGCGTCGACGTAC	
algD	algD_F	ATCAGCATCTTTGGTTTGGG	346
	algD_R	TGTGGCGTTCGGACTTCT	
lasI	lasI_F	CGTGCTCAAGTGTTCAAGG	295
	lasI_R	TACAGTCGGAAAAGCCCAG	
lasR	lasR_F	AAGTGGAAAATTGGAGTGGAG	130
	lasR_R	GTAGTTGCCGACGACGATGAAG	
rhlL	rhlL_F	TTCATCCTCCTTTAGTCTTCCC	155
	rhlL_R	TTCCAGCGATTCAGAGAGC	
rhlR	rhlR_F	TGCATTTATCGATCAGGGC	133
	rhlR_R	CACTTCCTTTTCCAGGACG	

Table S3 Isolation of pathogenic bacteria from clinical mastitis samples of dairy cows

Bacteria	Number	Rate
Escherichia coli	65	15.33%
Klebsiella Pneumoniae	58	13.68%
Pseudomonas aeruginosa	63	14.86%
Staphylococcus spp.	97	22.88%
Streptococcus spp.	18	4.25%
Enterococcus Thiercelin and Jouhaud spp.	15	3.54%
Bacillus Cohn spp.	61	14.39%
Other	47	11.08%
Total	424	100%

Table S4 ST-type and number of strains of *Pseudomonas aeruginosa*

ST	acsA	aroE	guaA	mutL	nuoD	ppsA	trpE	strains
277	39	5	9	11	27	5	85	11
450	7	5	83	77	3	4	34	8
571	198	20	26	9	3	64	69	8
641	6	5	6	5	4	4	81	8
463	6	5	5	43	91	6	83	6
185	6	5	5	31	91	6	83	5
836	6	5	1	5	27	76	81	3
1061	92	75	26	31	4	120	46	3
510	104	75	26	71	4	4	157	3
147	185	5	6	11	3	87	87	2
256	6	5	5	54	3	200	96	1
594	198	5	146	31	14	4	81	1
640	25	20	212	5	3	76	85	1
752	198	5	146	43	14	87	81	1
838	6	5	1	18	3	87	83	1
2197	91	75	3	43	13	162	70	1

Table S5 Drug resistance of five main ST types

ST	Tetracycline		Streptomycin		Ciprofloxacin		Gentamicin		Piperacilln	
	Resistance	Intermediate	Resistance	Intermediate	Resistance	Intermediate	Resistance	Intermediate	Resistance	Intermediate
ST277	23.53%（4/11）	0	81.81%（9/11）	0	0	9.15%（1/11）	63.64%（7/11）	18.19%(2/11)	9.15%（1/11）	18.19%(2/11)
ST450	12.50%（1/8）	0	50%（4/8）	0	0	0	37.50%（3/8）	0	12.50%（1/8）	37.50%（3/8）
ST571	12.50%（1/8）	0	75%（6/8）	0	0	12.50%（1/8）	50%（4/8）	0	0	25%（2/8）
ST641	12.50%（1/8）	12.50%（1/8）	62.5%（5/8）	37.50%（3/8）	0	25%（2/8）	50%（4/8）	12.50%（1/8）	0	12.50%（1/8）
ST463	0	0	50%（3/6）	0	0	16.67%（1/6）	50%（3/6）	0	0	16.67%（1/6）

Table S6 Detection of virulence gene in 63 strains of *Pseudomonas aeruginosa*

Virulence gene	Not detected strains	Detected strains	Detected rate
exoS	1	62	98.41%
exoT	0	63	100.00%
exoU	17	46	73.02%
exoY	0	63	100.00%
pyo	12	51	80.95%
toxA	15	48	76.19%
algD	1	62	98.41%
aprA	1	62	98.41%
lasA	45	18	28.57%
lasB	1	62	98.41%
plcH	0	63	100.00%
lasI	4	59	93.65%
lasR	22	41	65.08%
rhlL	13	50	79.37%
rhlR	4	59	93.65%