

	BCF02	BCF03	BCF108	RBF125	RBF189	YBF16	YBF26	YBF32	YBF35	YBF37	YBF38	YBF39	RBF208	YBF30	N1_FR_2011	RBF168
BCF02																
BCF03	0,205															
BCF108	0,206	0,224														
RBF125	0,275	0,281	0,279													
RBF189	0,255	0,221	0,252	0,294												
YBF16	0,256	0,251	0,281	0,293	0,272											
YBF26	0,219	0,227	0,200	0,291	0,261	0,267										
YBF32	0,208	0,221	0,212	0,290	0,247	0,258	0,219									
YBF35	0,280	0,280	0,273	0,289	0,291	0,311	0,292	0,268								
YBF37	0,276	0,275	0,277	0,317	0,283	0,288	0,285	0,266	0,302							
YBF38	0,196	0,205	0,205	0,290	0,257	0,258	0,212	0,212	0,277	0,279						
YBF39	0,233	0,226	0,232	0,286	0,209	0,269	0,217	0,228	0,280	0,276	0,228					
RBF208	0,407	0,405	0,390	0,430	0,436	0,437	0,418	0,413	0,421	0,433	0,406	0,422				
YBF30	0,499	0,486	0,487	0,493	0,498	0,499	0,502	0,499	0,498	0,499	0,492	0,498	0,425			
N1_FR_2011	0,504	0,491	0,484	0,488	0,515	0,499	0,495	0,498	0,504	0,506	0,484	0,499	0,425	0,148		
RBF168	0,436	0,443	0,447	0,459	0,459	0,455	0,437	0,442	0,465	0,461	0,437	0,445	0,445	0,450	0,434	

Supplemental Digital Content 1

Table S1. Estimates of evolutionary divergence between sequences of the viruses used in the study.

The numbers of amino acid differences per site between sequences are shown. All ambiguous positions were removed for each sequence pair. There were a total of 930 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA6 [37].