

**Table S2: Pairwise amino acid distances estimated among sequences of the betanodavirus strains.**

A) Pairwise amino acid distances estimated among the RNA1 sequences of the betanodaviral strains used in the present study.

	283	132	292-7.8	292-1.2	187	367-2	61-48	188	461-1	165-6	540-7	484-2
<b>283</b>												
<b>132</b>	0.016											
<b>292-7.8</b>	0.020	0.003										
<b>292-1.2</b>	0.021	0.003	0.001									
<b>187</b>	0.023	0.006	0.003	0.004								
<b>367-2</b>	0.023	0.005	0.013	0.013	0.016							
<b>61-48</b>	0.021	0.005	0.004	0.005	0.006	0.015						
<b>188</b>	0.023	0.006	0.003	0.004	0.000	0.016	0.007					
<b>461-1</b>	0.019	0.003	0.002	0.002	0.005	0.008	0.003	0.005				
<b>165-6</b>	0.028	0.008	0.008	0.009	0.007	0.021	0.012	0.007	0.007			
<b>540-7</b>	0.135	0.136	0.142	0.142	0.142	0.141	0.141	0.141	0.135	0.145		
<b>484-2</b>	0.146	0.134	0.142	0.142	0.142	0.150	0.141	0.141	0.133	0.148	0.012	

B) Pairwise amino acid distances estimated among the RNA2 sequences of the betanodaviral

	283	132	292-7.8	292-1.2	187	367-2	61-48	188	461-1	165-6	540-7	484-2
<b>283</b>												
<b>132</b>	0.263											
<b>292-7.8</b>	0.268	0.011										
<b>292-1.2</b>	0.268	0.011	0.000									
<b>187</b>	0.265	0.011	0.009	0.009								
<b>367-2</b>	0.275	0.011	0.018	0.018	0.018							
<b>61-48</b>	0.259	0.009	0.007	0.007	0.007	0.016						
<b>188</b>	0.265	0.011	0.009	0.009	0.000	0.018	0.007					
<b>461-1</b>	0.256	0.009	0.007	0.007	0.007	0.016	0.000	0.007				
<b>165-6</b>	0.265	0.011	0.009	0.009	0.013	0.018	0.011	0.013	0.011			
<b>540-7</b>	0.268	0.032	0.039	0.039	0.039	0.034	0.036	0.039	0.036	0.039		
<b>484-2</b>	0.278	0.030	0.037	0.037	0.037	0.043	0.034	0.037	0.041	0.037	0.011	

strains used in the present study.