

Supplementary Materials:

Table S1. Oligos for norther blot. Oligos used to detect SFV- or CHIKV-specific siRNAs and piRNAs by northern blot analysis.

SFV siRNA-specific oligos	GGTGCCCGACATGTCTGGAAA
	CTTCAGCATCCCGTCGGTAGC
	TTCTGACACCTTTTCATCGCCT
	GTTAAACTCTGAAGGCACCTT
	AGGTCAATGATGGTCGGCGCC
SFV piRNA-specific oligos	AAGCTAGCTTTGCCAGGTCCGCGTTGT
	ACGTTTCCGGTTCCACAGGTGCAGTTGTA
	GTGCCAACGTTTCCGGTTCCACAGGTG
	TCCGCGTTGTCGATGACTCCTTTTCACG
	TGTTCCGTTTTCGGCACGTCAAGGCTGCC
CHIKV siRNA-specific oligos	TATCCTCGAGCATCCGTAGTGTGGCCTC
	GCCATACAGATGCGGACCCAA
	GCTTGCAGAGTGGCAGACCCG
	GATACCCAGTCAATTTCAGAAG
	GGGCGTCAGCATCCAGGTCTG
	CCGAGTGCTGGAAGATCGTCT
	GCAGATATCTACAAACGGTAC
	CCTCTCTGTCTCATCACGTCTG
	GCGTCTATGTCCACGTACACA
	GCAGAGTAGAGCAGTAAGAAA
CHIKV piRNA-specific oligos	ACGTCCCTTTTTCATATCTACT
	TGTTCTACACAAGTACACTGT
	GGATGAAGTGTCCTTGTTCAGTA
	GCACGAGTGCCCTTCTCCACAGTCG
	GCATCAGAAATGAAGCGACGGACGGG
	ACCTGGATTTTTCAGCGTCCCGTCTGT
	GCTGTCATCCGTCTTTATTCCGATT
	GGTCCAATCGTGGCTGTCATCCGTCT
	GTTGTCTGAAGATCGGTCTGCCGCTGTC
	CCACGCGTCCCTTGTGTCTGAAGAT
	ATTTTTCGATTTTTCATGCACATCCTC
	GCCAGTTTGGCCAGGTCCGCGTTAT
	CAGGTCTCATGACGTTGTCTCAAG

Table S2. Primer sequences. Primers used to control gene expression and synthesize T7 RNA polymerase promoter-flanked PCR products for dsRNA synthesis.

Gene name in Drosophila	Used Gene name for Ae aegypti	Accession number	Forward/ reverse primer sequences
Armitage	Arm	AAEL010696	GTAATACGACTCACTATAGGGGTACCGTTGACATTGCTTCTGAAA/ GTAATACGACTCACTATAGGGTGCTAGGAACGGATCGATAATTGT
Spindle-E	Spindle-E	AAEL013235	GTAATACGACTCACTATAGGGGATAAATTCGAACTCATCCGGCT/ GTAATACGACTCACTATAGGGGACAGAAGATCAGTGCCATCAGAG
GasZ	GasZ	AAEL000289	GTAATACGACTCACTATAGGGAACTGTAAGGACTCGTATGGGATG/ GTAATACGACTCACTATAGGGCGCTCGAAGGGTAATTTAACTCC
Zuc	Zuc	AAEL011385	GTAATACGACTCACTATAGGGCTACCTAATGCACCACAAGTTCTG/ GTAATACGACTCACTATAGGGCGGAGTTATCAGCAGTGGATGTT
Hen1	Hen1	AAEL010029	GTAATACGACTCACTATAGGGTGAAATACTTTGGAATCGGGCCTC/ GTAATACGACTCACTATAGGGATCGTCGTCCTCAATCATACTC
Hp1a	Hp1aA	AAEL004467	GTAATACGACTCACTATAGGGAGTTGTCAATGGAAAGGTGGAGTA/ GTAATACGACTCACTATAGGGATAGTCGTCCTTTGCATCGTTCTT
Hp1a	Hp1aB	AAEL004484	GTAATACGACTCACTATAGGGGCAAAGCTAAGGATAACAAACCGA/ GTAATACGACTCACTATAGGGGAACAGAAGCTCGTTGTTTGCTT
Blm	Blm	AAEL004039	GTAATACGACTCACTATAGGGACATCTCGCCTATTAGCAAGACAT/ GTAATACGACTCACTATAGGGATCTGGTTTGCTTTGAATCTGGTG
RecQ4	RecQ4	AAEL010905	GTAATACGACTCACTATAGGGTGTGAGTTTGTGTGGTTTATTGGG/ GTAATACGACTCACTATAGGGTTGGCCGTCGTATTGTTATGATTG
Qin	Qin	AAEL014694	GTAATACGACTCACTATAGGGGCTCAACCTCATCAAGAACGTTA/ GTAATACGACTCACTATAGGGAATGACCAGATCTTGTGCGAGTA
Vasa	Vasa	AAEL004978	GTAATACGACTCACTATAGGGCACGAAACCTACTCCGATTCAAA/ GTAATACGACTCACTATAGGGATCATCTTTTCAACCGATGGCAT

Table S3. Small RNA sequencing reads. Number of SFV-specific sequencing reads obtained by analysing small RNA in total cellular RNA samples isolated from SFV-infected cells (MOI of 10) Aag2 cells. 24 h before infection the cells had been treated with dsRNA against eGFP or SpnE.

Analysis of total cellular RNA from SFV-infected Aag2 cells if eGFP or SpnE had been knocked down			
Target	Number of SFV-specific siRNA reads	Number of SFV-specific 24-29 nt long reads	Number of total reads (18-35nt)
dseGFP, replicate 1	737975	182025	50444460
dseGFP, replicate 2	829610	278988	50063949
dsSpnE, replicate 1	663639	128353	36243946
dsSpnE, replicate 2	1082618	203951	62102991

Table S4. Transposon-specific small RNA reads. Transposon-specific piRNA reads as a percentage of total reads (18-35nt) are shown

Transposon name	dseGFP knock down, replicate 1			dseGFP knock down, replicate 2			dsSpnE knock down, replicate 1			dsSpnE knock down, replicate 2			dseGFP knock down, average of two replicates			dsSpnE knock down, average of two replicates			Ratio (dsSpnE/dseGFP)		
	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific	Sense and antisense specific	Sense- strand specific	Antisense- strand specific
CR1_Ele9	0.148	0.004	0.144	0.157	0.003	0.154	0.148	0.002	0.145	0.158	0.002	0.155	0.153	0.004	0.149	0.153	0.002	0.150	1.000	0.628	1.009
CR1_Ele10	0.033	0.001	0.032	0.020	0.001	0.019	0.027	0.001	0.026	0.015	0.000	0.015	0.027	0.001	0.026	0.021	0.001	0.020	0.786	0.553	0.796
CR1_Ele22	0.010	0.000	0.010	0.008	0.000	0.008	0.009	0.000	0.009	0.007	0.000	0.007	0.009	0.000	0.009	0.008	0.000	0.008	0.892	0.230	0.894
Pao_Bel_Ele6	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.061	0.921	1.159
Pao_Bel_Ele28	0.045	0.009	0.036	0.034	0.005	0.028	0.047	0.009	0.038	0.034	0.005	0.029	0.039	0.007	0.032	0.040	0.007	0.033	1.024	1.006	1.028
Pao_Bel_Ele113	0.041	0.000	0.041	0.030	0.000	0.030	0.047	0.000	0.047	0.031	0.000	0.030	0.035	0.000	0.035	0.039	0.000	0.039	1.092	1.988	1.091
Pao_Bel_Ele179	0.415	0.000	0.415	0.558	0.000	0.558	0.488	0.000	0.487	0.588	0.000	0.588	0.487	0.000	0.486	0.538	0.000	0.538	1.105	0.657	1.106
Penelope_Ele6	0.089	0.002	0.086	0.118	0.003	0.115	0.109	0.003	0.105	0.112	0.003	0.109	0.103	0.003	0.100	0.110	0.003	0.107	1.071	1.224	1.067
R1_Ele1	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.104	1.112	1.096
RTE_Ele1-JAM1	0.094	0.006	0.089	0.072	0.007	0.065	0.091	0.004	0.087	0.061	0.004	0.058	0.083	0.006	0.077	0.076	0.004	0.072	0.918	0.666	0.938
Tc1_Ele7-MsqTc3	0.065	0.000	0.065	0.070	0.000	0.070	0.065	0.000	0.065	0.072	0.000	0.072	0.068	0.000	0.068	0.069	0.000	0.069	1.009	1.036	1.009
Ty1_copia_Ele56	0.292	0.155	0.137	0.179	0.079	0.100	0.394	0.174	0.220	0.263	0.114	0.149	0.236	0.117	0.119	0.329	0.144	0.184	1.394	1.232	1.555
Ty1_copia_Ele74	0.068	0.004	0.065	0.056	0.003	0.053	0.066	0.002	0.064	0.042	0.002	0.040	0.062	0.003	0.059	0.054	0.002	0.052	0.873	0.628	0.886
Ty1_copia_Ele122	0.044	0.002	0.042	0.056	0.003	0.053	0.039	0.001	0.038	0.039	0.001	0.038	0.050	0.002	0.048	0.039	0.001	0.038	0.781	0.550	0.791
Ty3_gypsy_Ele29	0.080	0.000	0.080	0.084	0.000	0.084	0.086	0.000	0.086	0.066	0.000	0.066	0.082	0.000	0.082	0.076	0.000	0.076	0.927	4.868	0.926
Ty3_gypsy_Ele49	0.019	0.004	0.016	0.024	0.004	0.020	0.019	0.004	0.015	0.020	0.003	0.017	0.022	0.004	0.018	0.019	0.003	0.016	0.892	0.877	0.895
Ty3_gypsy_Ele51	0.038	0.000	0.038	0.056	0.000	0.056	0.041	0.000	0.041	0.055	0.000	0.055	0.047	0.000	0.047	0.048	0.000	0.048	1.020	1.555	1.020
Ty3_gypsy_Ele52	0.040	0.000	0.040	0.065	0.000	0.064	0.051	0.000	0.051	0.060	0.000	0.060	0.053	0.000	0.052	0.056	0.000	0.055	1.058	0.877	1.059
Ty3_gypsy_Ele53	0.145	0.000	0.145	0.160	0.000	0.159	0.139	0.000	0.139	0.140	0.000	0.139	0.152	0.000	0.152	0.139	0.000	0.139	0.916	0.886	0.916
Ty3_gypsy_Ele54	0.240	0.001	0.239	0.170	0.000	0.170	0.239	0.000	0.239	0.150	0.000	0.150	0.205	0.000	0.204	0.195	0.000	0.194	0.950	0.574	0.951
Ty3_gypsy_Ele55	0.024	0.000	0.024	0.026	0.000	0.026	0.025	0.000	0.025	0.023	0.000	0.023	0.025	0.000	0.025	0.024	0.000	0.024	0.951	1.015	0.951
Ty3_gypsy_Ele57	0.039	0.000	0.039	0.041	0.000	0.041	0.039	0.000	0.039	0.033	0.000	0.033	0.040	0.000	0.040	0.036	0.000	0.036	0.905	1.027	0.905
Ty3_gypsy_Ele58	0.199	0.000	0.199	0.204	0.000	0.203	0.193	0.000	0.192	0.175	0.000	0.174	0.201	0.000	0.201	0.184	0.000	0.183	0.912	1.381	0.911
Ty3_gypsy_Ele59	0.348	0.000	0.347	0.354	0.000	0.353	0.328	0.000	0.328	0.300	0.000	0.300	0.351	0.000	0.350	0.314	0.000	0.314	0.896	0.982	0.896
Ty3_gypsy_Ele60	0.226	0.000	0.226	0.235	0.000	0.234	0.202	0.000	0.202	0.195	0.000	0.195	0.230	0.000	0.230	0.199	0.000	0.198	0.862	0.979	0.862
Ty3_gypsy_Ele61	0.049	0.000	0.049	0.067	0.000	0.067	0.050	0.000	0.050	0.051	0.000	0.051	0.058	0.000	0.058	0.051	0.000	0.051	0.871	1.307	0.870

Ty3_gypsy_Ele62	0.048	0.000	0.048	0.042	0.000	0.042	0.047	0.000	0.047	0.038	0.000	0.038	0.045	0.000	0.045	0.043	0.000	0.042	0.944	0.761	0.945
Ty3_gypsy_Ele73	0.273	0.056	0.217	0.409	0.040	0.369	0.304	0.047	0.257	0.483	0.026	0.457	0.341	0.048	0.293	0.394	0.037	0.357	1.155	0.758	1.220
Ty3_gypsy_Ele121	0.054	0.000	0.054	0.072	0.000	0.072	0.054	0.000	0.054	0.066	0.000	0.066	0.063	0.000	0.063	0.060	0.000	0.060	0.947	0.781	0.947
Ty3_gypsy_Ele122	0.238	0.001	0.237	0.291	0.001	0.289	0.247	0.001	0.246	0.264	0.001	0.263	0.264	0.001	0.263	0.255	0.001	0.254	0.966	0.944	0.966
Ty3_gypsy_Ele123	0.057	0.001	0.056	0.067	0.001	0.066	0.056	0.001	0.055	0.056	0.001	0.055	0.062	0.001	0.061	0.056	0.001	0.055	0.907	1.008	0.905
Ty3_gypsy_Ele124	0.012	0.000	0.012	0.012	0.000	0.012	0.013	0.000	0.013	0.012	0.000	0.012	0.012	0.000	0.012	0.012	0.000	0.012	1.034	1.663	1.034
Ty3_gypsy_Ele125	0.098	0.000	0.097	0.095	0.000	0.095	0.096	0.000	0.096	0.082	0.000	0.082	0.096	0.000	0.096	0.089	0.000	0.089	0.924	0.917	0.924
Ty3_gypsy_Ele126	0.198	0.002	0.197	0.216	0.001	0.215	0.187	0.001	0.185	0.174	0.001	0.173	0.207	0.001	0.206	0.180	0.001	0.179	0.870	0.955	0.870
Ty3_gypsy_Ele127	0.276	0.002	0.274	0.263	0.002	0.261	0.244	0.002	0.242	0.221	0.002	0.219	0.269	0.002	0.267	0.232	0.002	0.230	0.863	0.843	0.863
Ty3_gypsy_Ele128	0.232	0.000	0.232	0.254	0.000	0.254	0.217	0.000	0.216	0.238	0.000	0.238	0.243	0.000	0.243	0.228	0.000	0.227	0.935	0.972	0.935
Ty3_gypsy_Ele129	0.031	0.000	0.031	0.037	0.000	0.037	0.032	0.000	0.032	0.035	0.000	0.035	0.034	0.000	0.034	0.034	0.000	0.034	0.991	N/A	0.991
Ty3_gypsy_Ele132	0.041	0.000	0.041	0.048	0.000	0.048	0.048	0.000	0.048	0.054	0.000	0.054	0.044	0.000	0.044	0.051	0.000	0.051	1.146	0.000	1.146
Ty3_gypsy_Ele135	0.055	0.002	0.053	0.058	0.002	0.056	0.053	0.001	0.052	0.052	0.001	0.051	0.057	0.002	0.055	0.052	0.001	0.051	0.927	0.763	0.932
Ty3_gypsy_Ele137	0.055	0.000	0.055	0.051	0.000	0.051	0.053	0.000	0.053	0.043	0.000	0.043	0.053	0.000	0.053	0.048	0.000	0.048	0.906	1.044	0.906
Ty3_gypsy_Ele148	0.059	0.000	0.059	0.059	0.000	0.059	0.055	0.000	0.055	0.041	0.000	0.041	0.059	0.000	0.059	0.048	0.000	0.048	0.816	0.698	0.816
Ty3_gypsy_Ele152	0.197	0.000	0.197	0.212	0.000	0.212	0.195	0.000	0.194	0.196	0.000	0.196	0.205	0.000	0.205	0.195	0.000	0.195	0.953	0.882	0.953
Ty3_gypsy_Ele154	0.120	0.001	0.120	0.139	0.001	0.138	0.116	0.001	0.115	0.127	0.001	0.126	0.130	0.001	0.129	0.121	0.001	0.120	0.935	1.290	0.933
Ty3_gypsy_Ele155	0.636	0.001	0.635	0.614	0.002	0.612	0.541	0.001	0.540	0.503	0.001	0.502	0.625	0.001	0.623	0.522	0.001	0.521	0.836	0.918	0.836
Ty3_gypsy_Ele156	0.106	0.001	0.105	0.108	0.002	0.107	0.110	0.002	0.108	0.107	0.002	0.105	0.107	0.001	0.106	0.108	0.002	0.107	1.011	1.126	1.010
Ty3_gypsy_Ele158	0.094	0.000	0.093	0.149	0.000	0.149	0.093	0.000	0.092	0.130	0.000	0.130	0.121	0.000	0.121	0.111	0.000	0.111	0.916	0.720	0.916
Ty3_gypsy_Ele160	0.082	0.000	0.082	0.119	0.000	0.119	0.089	0.000	0.089	0.096	0.000	0.096	0.100	0.000	0.100	0.093	0.000	0.092	0.923	0.560	0.924
Ty3_gypsy_Ele163	0.064	0.000	0.063	0.082	0.000	0.082	0.082	0.000	0.081	0.085	0.000	0.085	0.073	0.000	0.072	0.083	0.000	0.083	1.147	1.168	1.147
Ty3_gypsy_Ele167	0.158	0.000	0.158	0.245	0.000	0.244	0.153	0.000	0.153	0.228	0.000	0.227	0.201	0.000	0.201	0.190	0.000	0.190	0.946	1.399	0.946
Ty3_gypsy_Ele171	0.048	0.000	0.048	0.051	0.000	0.051	0.041	0.000	0.041	0.039	0.000	0.039	0.049	0.000	0.049	0.040	0.000	0.040	0.810	0.835	0.810