

Supplementary Figure S9: Alignment of the astrovirus sequences detected in bats. Positions are indicated according to the bat astrovirus isolate BtAstV/21164-6-A/M.dau/DK/2015 (KF313135). GenBank accessions for sequences obtained in SYMN012 and SYMA008 are ON893139 and ON893140.



	3110	3120	3130	3140	3150	3160	3170	3180	3190	3200
									
MZ218053	GAAAGCACACCUUGGUUACCUAAGUUUCGUACUGGAAGACUGAGGUGAGUAUUUAGAGGAUAGAGGCUUCUGUGACUACAUCCAACAGCUUGAUUGAAU									
SYMN012	GATTCTACTCCTGCGTTTCCAAAAATTCCTTTTCTGGCGCACAGAGGAGGAATATTTGGAAGATCGTGGGTATGCTGATTACATCAAGCAGTATAATGACA									
SYMA008	GATTCTACCCCTGCTTTTCCGAAGTTCCTCTATTGGAAAACTGAAGAGGAGTATTTGGAGGAAAGGGGGTATGCTGATTACATTCAACAAATACAACGATT									
MEMN002	GATTCAACTCCTGCTTTTCCTAATTTCTCTTCTGGCGTACAGAGGAGGAATATTTGGAGGAGCGTGGGTATGCTGATTATATTAACAGTATAATGATA									
SYMA003	GATTCTACTCCTGCTTTTCCTAAGTTCCTTTTCTGGCGTACTGAAGAGGAGTATTTGGATGAGCGTGGTTATGCTGATTATATCCAGCAGTACAATGATA									
SYMN007	CAATCTACACCAGCCTTTCCAAAAATTCCTTTTCTGGAAAAACGGAAGAGGAGTATTTGGAAGAACGTGGTTATGCTGATTACATACAGCAGTATAATGACA									
SYMA006	GATTCTACTCCTGCTTTTCCGAAGTTCCTCTATTGGAAAACTGAAGAGGAGTATTTGGAGGAGCGTGGGTATGCTGATTATATACAGCAGTATAATGATA									
SYMN011	GATTCCACACCTGGCTTTCCAAAAATTCCTCTTTTGGAAAGCTGAGGAGGAGTATTTGGATGAGCGGGGTTATGCTGATTATATTC AACAGTATAATGACA									
SYMN010	GATTCCACTCCCGCATTTCCGAAGTTCCTTTTTTGGCGTACGGAAGAGGAGTATTTGGATGATCGTGGTTATGCTGATTATATTAGTCAGTATAATGACA									
SYMA009	GATTCCACACCTGGCTTTCCAAAAATTCCTCTTTTGGAAAGCTGAGGAGGAGTACTTTGGATGAGCGGGGTTATGCTGATTATATTC AACAGTATAATGACA									
SYMA010	GATTCTACACCTGCTTTTCCTAAGTTCCTCTTCTGGCGTACTGAGGAGGAATATTTGGAGGAGCGTGGGTATGGTGATTATATTCAGCAGTTC AATGATA									
MEMT006	-----									
SYRL007	-----									

	3210	3220	3230	3240	3250	3260	3270	3280	3290	3300
									
MZ218053	UGAAAAAUGGUUCUAGACCCGACGUGCUGUGGUUAUUUAUUUUAAGAAAGAAAUUCUUAAGGUGAUAAGGUCGAAGCUGGUGACAUAUCGUCAAAUUCGU									
SYMN012	TTTGTGATGGTGAAAGACCCGATGTATTGTGGTACTTATTTTAAAGAAAGAGATCTTGAAAGATTGATAAAATTAAGATTCCGATATAAGGCAAATTGT									
SYMA008	TGGTTGCTGGTGAAAGCCCGATGTCCTTTGGTATCTCTTCTTGAAGAGGAGATTTTAAACCTGGATAAAATTAAGATTGAGATATCCGTCAGATAGT									
MEMN002	TACTTGGTGGGAAAGGCCGTGATGTCTCTCTCTCTTTTGAAGGAGGAGTCTCTTTTGAAGGAGGAGTCTTAGGTTGGATAAGATAAAAGACTCAGATATTAGGCAAATAGT									
SYMA003	TTGGTAATGGTGAAAGACCTGATGTTTTGTGGTATCTTTTTCTTAAAGAGGAGATCTTAGGTTGGATAAGATAAAAGACTCAGATATTAGGCAAATAGT									
SYMN007	TTGTGGCTGGTGAGCGTCCAGATGTCCTTTGGTACCTCTTCTTGAAGAGGAGATCTTAAAGTTGGAAGAAATTTGATCAGTCTGATATTCGGCAAATAGT									
SYMA006	TTGTTGCTGGTGAGCGACCTGATGTTTTTGGTATCTTTTCTTGAAGAGGAGGATCTGAGTTGGATAAAATTAAGATTGAGATATTCGTCAAATAGT									
SYMN011	TAGTTGCGGGTGAGAGACCAAGTCCGTGTTGTTCTCTTTTGAAGAAAGAAATCTTAAATTTGGAAGGAGATTGAGGAAATCTGATATCCGTCAAATAGT									
SYMN010	TTGTCAATGGTGAGCGTCCCGATGTTTTGTGGTATTTATTTTAAAGAGGAGATCTTAAAGTTAGATAAGATCAAGGATTCTGATATAAGGCAAGATCGT									
SYMA009	TAGTTGCGGGTGAGAGACCAAGTCCGTGTTGTTCTCTTTTGAAGAAAGAAATCTTAAATTTGGAAGGAGATTGAGGAAATCTGATATCCGTCAAATAGT									
SYMA010	TAGTTGCGGGTGAGAGACCTAATGTTTTGTGGTACCTTTTCTTAAAGAGGAGATCTTAAAGTTGGAAGGATCAAGGAAATCTGATATTAGGCAAATTTG									
MEMT006	-----AGATTGT									
SYRL007	-----									

	3310	3320	3330	3340	3350	3360	3370	3380	3390	3400
									
MZ218053	UUGUCCCGACCCUAUCUAGCAGCUGUCGGAGCGAUUUCGAGCAAGAUCAAGAAAUUGAUAAGGAGATGACCAAGUGGAAACAUUGGCCAAUUGGGA									
SYMN012	GTGTCCTGACCCATATATTTCCAGGATTGGTGCCATGTTTGAGCAAGATCAGAAATAACCGTATGAAGGATATGACCCGATGGCGGCAATCTCAGTGTGGA									
SYMA008	GTGTTCAGATCCAAATTTTGGCCGTATTGGTGCTATGTTTGAGCAAGATCAAAACAACCGTATGAAGGAGATGACCCGCTGGCGACAAGGTCAGTGTGGT									
MEMN002	-----									
SYMA003	GTGTCCTGACCCCATATTTTCTAGGATTGGTGCCATGTATGAACAAGATCAAAATAATCGTATGAAGGAGATGACAAGATGGAGGCAGTCCCAGTGTGGT									
SYMN007	GTGTCAGACCCATATTTATAGTCGGATTGGGGCTATGTTTGAAACAAGACCAAGAAACCAACCGAATGAAGAGTATGACGCGGTGGAAACAATCACAATGTGGT									
SYMA006	TTGTGCAGATCCAAATTTATGCTCGTATTGGTGCTATGTACGAGCAAGATCAAAATAACCGTATGAAGGAGATGACCCGTTGGCGTCAAGGTC AATGTGGG									
SYMN011	GTGTTCAGACCCCAATATATGCTCGTATTGGAGCAATGTATGA									
SYMN010	TTGTCTGTATCCTATTTTTTCTAGAATTGGTGCCATGTTTGAGCAAGATCAAAATAATCGGATGAAAAGTATGACACGGTGGAGGCAATCTCAGTGTGGT									
SYMA009	GTGTTCAGACCCCAATATATGCTCGTATTGGAGCAATGTATGAGCAAGATCAGAAATAATCGGATGAAGGAGATGACCCGTTGGCGTCAAGGCCAATGTGGT									
SYMA010	GTGTCCTGTATCCTATTTTTCTCTCGTATTGGTGCCATGTATGAACAAGATCAGAAATAACCGGATGAAGGACATGACAAGGTGGCGTCAGTCACAGTGTGGA									
MEMT006	GTGTCCTGTATCCCAATCTATGCTAGGATAGGTGCCATGTTTGAGCAAGATCAGAAATAACAGGATGAAGAACATGACAAGGTGGAAACATGGACAGTGTGGT									
SYRL007	-----									

```

      3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470      3480      3490      3500
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
MZ218053 UGGUCACCCUUUGAGGGUGGCUUUGAUGAGGUUCUUCGCCGCCUCGAGCGUGAUGACAATCAGUACAUGAGUUGGAUUGGACUCGGUAUGAUGGUACUA
SYMN012 TGGTCGCCTTTTGAAGGTGGCTTCCATGAGGTTATTTCTAGGTTAGACCGTAGTGGTCATACCTATATCGAGTTGCGATTGGACTCGTTATGATGGCACCA
SYMA008 TGGTCCCCCTTTGAAGGTGGCTTTTCATCATGCCATTTACGCGTTGGAACGTAAAGGCAATGTTTACATAGAGTTTGATTGGACTCGCTATGATGGAACATA
MEMN002
SYMA003 TGGTCTCCGTTTGAAGGTGGTTTCCATGATGTCAATTTCTAGGTTAGAGCGTGATGGTAATACATACATAGAGTTTGATTGGACGAGATATGATGGCACAA
SYMN007 TGGTCCCCCTTTGAAGGGGGTTCCTATGAGGTTATCTCGCGTCTTGAGAAGCCTGGGAACCATTTATATTGAGTTTGATTGGACCCGATATGATGGCACTA
SYMA006 TGGTCTCCCCTTTGAAGGTGGCTTTTCATGAAGTTATCTAGATTAGATCGTCCGGGTAAATAAGTATATTGAGTTTGATTGGACTCGATATGATGGTACCA
SYMN011
SYMN010 TGGTCTCCCCTTTGAAGGTGGCTTCCATGAGGTTGTTTCCCCTCTTGATCATTCAGGTTCATACTTATATTGAGTTGCGATTGGACTCGATATGATGGCACGA
SYMA009 TGGTCTCCTTTTGAAGGTGGCTTTTCATCAAGCCATCTCCCATTAGAACGTAAAGGTAATATCTATATAGAGTTTGATTGGACACGCTATGACGGAACTA
SYMA010 TGGTCCCCCTTTGAAGGGGGCTTCCTATGAGGTCACTCTCTAGATTAGATCGTCCGGTAAACAAATTATTGAGTTTGATTGGACTCGATATGATGGCACCA
MEMT006 TGGTCACCCCTTTGAAGGTGGCTTTGATGAGGTTCTTCGCCGTATTGAAAAGCCTGAAAAATCAATATATTGAACTGGATTGGACTCGGTATGATGGCACTA
SYRL007 -----

```

```

      3510      3520      3530      3540      3550      3560      3570      3580      3590      3600
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
MZ218053 UUCCGCUUGAAGUGUUUCGACACAUCAAUGGGUUUAGGUUUCACAUUGCUGGAUCCUGCCUACCACACAAGUGUUAAUAAGGGGAUAUACUCUGGUUACGU
SYMN012 TTCCCTGTGGAGGTTTTTAGGCACATTAAGAAATTTTAGGTTTAGCATGTTGGATCCAGTTTATAAGACCAAATTGAACAGAGACATTTATGATTGGTACAT
SYMA008 TACCCTGTTGAGGTATTTAGGCATATTAACAACTTTTCGGTTTAGTATGTTAGATCCAGTTTATAAGACCACAGTTAATTCCTCGATCTACCAGTGGTACAT
MEMN002
SYMA003 TCCCAACTGAGGTTTTTATACATGTTAAATCATTTAGGTTTCTGATGCTTGACCCAGTATATAAGACACCTCTTAATAGGGGCATTTATGATTGGTACGT
SYMN007 TCCCTGTTGAGGTTTTTCTACATATTAAGAGTTTTCGGTTTTCCATGCTCGATCCGGCTTATAAGAATGATACCCCTTAGGTTCCATTTATGATTGGTACGT
SYMA006 TTCCCTGTTGAGGTTTTTAGGCATATAAGAGTTTTAGATTTTCTATGCTGGATCCTGTTTATAAGACCACCTTGTAATAAATCCATATATGACTGGTACGT
SYMN011
SYMN010 TTCCAGTTGAGGTTTTTCAGGCATATTAAGAACTTTAGATTTGCCATGCTTGACCCAGTCTATAAAACCACAGTCAATAAGGATGTTTATGATTGGTACGT
SYMA009 TTCCCTGAGGAGGTTTTTAGGCATATTAAGTCTTTTATGATTTAGTATGCTTGACCCCGTTTATAAGAC
SYMA010 TACCCTGTTGAGGTTTTTCAGGCATATTAAGAAATTTTAGGTTTAGTATGYTAGATCCAGTTTATAAAACAGATATGAACAGATCTATTTATGATTGGTACGT
MEMT006 TACCGCTTGAGGTGTTTCGACACATCAAGTGGTTTAGGTATCAGATGCTTGATTCTTCCTACCATACACCTGAAAAATCGTGGTGTTTATGAATGGTATGT
SYRL007 -----TATGT

```

```

      3610      3620      3630      3640      3650      3660      3670      3680      3690      3700
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
MZ218053 UGAUCAGAUUGGCCGAGGCAUGUCCUCUUGCCUAGUGGUGAGGUCACUAUCCAGGAGCGUGGAAACCCUUCUGGUCAGAUUCUCUACCACUUGGAUAAC
SYMN012 TGGTCAACTTATGTACCGTTATGTTTGTACCATCTGGAGAAATCACAAATTCAGGATAGAGGCATCCCTTCAGGTCAAATATCCACTACTATGGATAAT
SYMA008 TGGTCAACTTATGTACCGACATGTTCTCCTTCCTTCTGGTGAAGTTACCATACAAGATCGTGGCAATCCAGCGGACAGATCTCCACAACATATGGACAAAT
MEMN002
SYMA003 TGGACAACCTTATGTACCGTTATGTTCTTTTACCATCTGGAGAGATTACCATTCAGATCGTGGTAAATCCTTCTGGCCAAATTTCAACCACAATGGACAAAT
SYMN007 TGGTCAGCTTATGTACCGTTATGTTGTTGCTTCTGGAGAAATAACCATTCAGATAGGGGTAAACCTTCAGGGCAAAATTTCTACTACCACTGATAAT
SYMA006 TGATCAACTTATGTACCGTCATGTCCTTTTGCCTTCTGGAGAGATTACTATACAGAGTAGGGGTAAATCCTAGTGGCCAAATTTCTACAACCATGGATAAT
SYMN011
SYMN010 TGGTCAGCTATTGTACCGATATGTCCTTTTACCTCTGGTGAGATTACCATTCAGATCGTGGTAAATCCATCCGGGCAGATTTCCACTACCATGGATAAT
SYMA009
SYMA010 TGGTCAGCTTGTGTACCGTTATGTTCTTTTACCATCTGGTGAGGTCACTGTTCAGGATAAAGGTAATCCCTCTGGCCAAATTTCTACCACATATGGATAAT
MEMT006 AGATCAGATGTGAGGCGACATGTTTGTGCTTAGTGGTGAAGTTACCGTGCAGGAGCGTGGTAAACCATCTGGTCAGATTTCTACAACATATGGATAAT
SYRL007 TTCTCAATTGTGTATAGGTATGTTCTTTTGCCTTCAAGTGAAGTTACCATACAACTAAGGGAAATCCCTCTGGACAGATTTCAACAACATATGGATAAC

```

```

      3710      3720      3730      3740      3750      3760      3770      3780      3790      3800
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
MZ218053 AAUATGAUUAACACUUUUUUGCAAGCUUUUGAGUUUGCUUAUGUACAUCAGAGAUUAUACUGAUUCCAUGCUUGAGGCUGAAUGGAAGAAAUUGACACCA
SYMN012  AATTTGGTTAATACATTTTTCAGGCTTTTGAGTTTGCGTATTTGAACCCCGAGTTATCTTTGGATGAACTCGATTGTTTATATGCGCAGTGTAACAT
SYMA008  AATATGGTTAATTGTTTCTCCAGGCTTTTGAGTTTGCGTATTTGAATCCTGGCTATCTATGGCTGAGTTAGACCTTTTATATGCGCAGTGTAATCTT
MEMN002
SYMA003  AATATGGTAAATACCTTCCCTCCAGGCTTTTGAGTTTGCGTATTTGAATCCTGGGCTCTCTTTTGGAGAGCTCGATGATTTATATGCGCGTCTGACTCTT
SYMN007  AATATGGTCAACACCTTTTTCAGGCTTTTCAGTTTGCTTATCTTAATCCAGAGTTGTCTCTGGATGAATTAGAGGTGTTGTATAGTCAGGGTGATTCTC
SYMA006  AACATGGTTAATTGTTTCTCCAGGCTTTTGAGTTTGCGTATTTGAATCCTGGCTTGTCCTCAACACGAGCTTGATGGTTTATATGCGCAGGCAGACTCTT
SYMN011
SYMN010  AATTTAGTCAACACCTTTTTTTCAGGCTTTTGAGTTTGCGTATGTGAATCCTGAGCTCTCTATGGATGAGCTTGATATTTTGTATGCGCAATGTGACTCAC
SYMA009
SYMA010  AATCTGGTTAACACCTTTTTTTCAGGCTTTTGAGTTTGCGTATGTGAACCCCTGAGCTCTCTTTGGATGAGCTTGATGTTTGTATGCGCAGTGTAACAT
MEMT006  AACATGGTTAACACCTTTTTTCAAGCATTGAAATTTGCCATGTTCCATCCAGACTATGATGATTCCAGGCTTGAGAGTGAGTGGAAGAAATGTGACACTA
SYRL007  AATATGGTCAATTAATTTTTTTCAGGCTTTTGAGTTTGCTTATCTTCATCCTAGTTTTTGGCGAAGATGCCCTTGCTTCTGCTTGGTCTAATACTGATACTT

```

```

      3810      3820      3830      3840      3850      3860      3870      3880      3890      3900
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
MZ218053 UCGUGUAUGGUGAUGAUAGGAUAUCAUCUUGGCCAUUCUGUCCUCCGAAUUAUGUUGAUAUGUUGUUGAGAUUAUAAGGUUGUUUUUGUAUGUGGGU
SYMN012  TAATTTATGGTGATGATAGATTATCATCGTGGCCCTGCATACCTGATAACTATCCTGAAAGTGTTCCTGCCATGTATGAACATGTTTTTGAATGTGGGT
SYMA008  TAGTCTATGGAGATGATCGGTTGACATCATGGCCGAGTGTCCCGATGATTATCCCAATGTGGTTTCCCGCATGTATGAACATGTCTTTGGCATGTGGGT
MEMN002
SYMA003  TAATCTATGGAGATGATAGATTATCATCATGGCCGTGTCGTCGCCGATAATTATCAAGAAGGTGTTTCTGCCATGTATGAGCATGTTTTTGGTATGTGGGT
SYMN007  TTATTTATGGAGATGATAGACTCACATCTTGGCCCTGTGTCCCTGAGGATTATCCTAACCTTGTCTCCAGAATGTATGAACATGTATTTGGCATGTGGGT
SYMA006  TAGTTTATGGAGATGATAGATTAACTCTTGGCCGTTTGTCCCGATGATTATCCTAATTTGGTATCTCGCATGTATGAACATGTCTTTGGCATGTGGGT
SYMN011
SYMN010  TTATATATGGAGATGATCGTTTGTATCTTGGCCGTGTTGTTCCTGATAATTATCAGGAGCTTGATATCATCTATGTATAAACATATCTTTGGTATGTGGGT
SYMA009
SYMA010  TAATTTATGGTGATGATAGATTATCATCATGGCCATTGTTTCCTGATGATTATCCTGATCGTGTTCGCCCATGTACGAACATGTCTTTGGCATGTGGGT
MEMT006  TTGTTTATGGCGATGATAGGATTTTCTTGGCCYAGTGTCCACCTAACATATGTTAATGAAGTTGTTGAGATGTATAAAATTGTTTTGGTATGTGGGT
SYRL007  TGATCTACGGTGATGACCGTATCTCATCTT -----

```

```

      3910      3920      3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990      4000
....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
MZ218053 UAAGCCUGAAAAGAUAGUAGUUAGAAAUGAGUUAAGUGGUUUUUUUUGGUUUUACAGCUAUCCUUUCUGAUGGUUAUGUAUCUGCCUUGUCCUAAU
SYMN012  AAAACCAGATAAAGTTAAAGTCTCTGATACACTTGAAGGCCTCACTTTTGTGGATTTACAGTTATTAGAAAGTGGGGGTTACTATTTGCCATACCTGCA
SYMA008  TAAGGAGAACAAAGTTAAAGTTTCTGATACATTAGAAGGGCTGACCTTTTGTGGATTTACTGTTATTTCGATCTGGTGGGATGTATTTACCTGTTCCATCT
MEMN002
SYMA003  CAAACCAGAAAAGTTAAAGTCTCTGATACACTTGAAGGCCTGACTTTTTGTGGTTTTACTGTTATTAGTAGTGGCGGGCTTTTATTTTCTGTACCAGCT
SYMN007  TAAACCTGACAAAGTTAAGGTCTCAGATACGCTAGAAGGACTTACTTTCTGTGGTTTTACTGCTATTAAGAGTGATGGGCCTTATCTTCTGTGCCGTT
SYMA006  TAAGCCAGAAAAATTAAAGTATCAGACACCTTGAAGGGCTTGACCTTTTGTGGTTTTACTGTTATTTCGATCTGGAGGTATGTATCTCCCTATTCCATCT
SYMN011
SYMN010  TAAGCCCGACAAAGTTAAATATCTGATACCTTTGAGGGTTTGACTTTTTGTGGTTTACCATCATTCGTAGCGGGGGTTATTATCTTCTGTTCATCT
SYMA009
SYMA010  TAAGGAGAACAAAGTTAAAGTTTCTGATACATTAGAAGGGCTTACTTTTTGTGGATTTACTGTTATTTCGGAGTGGCGGATTTTATCTCCCTATTCCATCA
MEMT006  AAAACCTGAAAAGATTGTAGTCAGAAATGAGCTTAGTGGTGTTCCTTTTTGTGGGTTTACAGCTATCCTTTCTGATGGAATGTATTTGCCAGTGCTAAAT
SYRL007  -----

```

