

Supplemental Table 1. Samples from HPS cases and rodents used in this study. N/A indicates that the virus present in this sample could not be determined.

Sample	Source	Type	State	Year	Hantavirus
H695687	HPS case	blood	Mato Grosso	2005	LANV-2
H704376	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H704385	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H705167	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H711859	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H711879	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H711891 ³⁷	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H712515	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H712551	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H713170	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H713174	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	LANV-2
H708928 ³⁵	HPS case	blood	Mato Grosso	2006	N/A
H722027	HPS case	blood	Mato Grosso	2007	LANV-2
H722028	HPS case	blood	Mato Grosso	2007	LANV-2
H731172	HPS case	blood	Mato Grosso	2007	LANV-2
H736253	HPS case	blood	Mato Grosso	2007	LANV-2
H745332 ³⁵	HPS case	blood	Pará	2008	CASV
H745427 ³⁵	HPS case	blood	Pará	2008	CASV
H752463	HPS case	serum	Amazonas	2008	N/A
H756122	HPS case	serum	Belém	2009	N/A
H756921	HPS case	serum	Pará	2009	N/A
H758031	HPS case	serum	Rondônia	2009	CASV
H759272	HPS case	serum	Amazonas	2009	N/A
H759273	HPS case	serum	Amazonas	2009	CASV
H741506	HPS case	serum	Rondônia	2009	N/A
H759113	HPS case	viscera	Maranhão	2009	ANJV
AN683313	<i>Oligoryzomys microtis</i>	liver	Amazonas	2004	RIOMV-3
AN683314	<i>Oligoryzomys microtis</i>	liver	Amazonas	2004	N/A
AN683316	<i>Oligoryzomys microtis</i>	liver	Amazonas	2004	N/A
AN683318	<i>Oligoryzomys microtis</i>	liver	Amazonas	2004	N/A
AN693223	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693227	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693229	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693231	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693239	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693799	<i>Oligoryzomys</i> sp.	lung	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693800	<i>Oligoryzomys</i> sp.	lung	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693240	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4

AN693242	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693802	<i>Oligoryzomys</i> sp.	lung	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693244	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	N/A
AN693247	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693248	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693251	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693262	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693269	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693277	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693288	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693292	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693307	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN693338	<i>Oligoryzomys</i> sp.	liver	Rondônia	2005	RIOMV-4
AN711258 ³⁵	<i>Oligoryzomys utiaritensis</i>	lung	Mato Grosso	2006	CASV-2
AN717307 ³⁶	<i>Oligoryzomys utiaritensis</i>	lung	Mato Grosso	2006	CASV-2
AN717313 ³⁶	<i>Oligoryzomys utiaritensis</i>	lung	Mato Grosso	2006	CASV-2
AN729965 ³⁶	<i>Oligoryzomys utiaritensis</i>	heart	Mato Grosso	2007	CASV-2

³⁵Medeiros et al. 2010

³⁶Travassos da Rosa et al. 2011

³⁷Travassos da Rosa et al. 2012

Supplemental Table 2. *Oligoryzomys* rodents included in the phylogenetic tree.

Species	GenBank Accession Number	Location
<i>Oligoryzomys andinus</i>	AY452200	N/A
	GU393999	Bolivia
<i>Oligoryzomys chacoensis</i>	EU258543	Paraguay
	GU185904	Argentina
<i>Oligoryzomys destructor</i>	EU192171	Argentina
	EU258544	
<i>Oligoryzomys utiaritensis</i>	JQ013750	Brazil
	JQ013761	
<i>Oligoryzomys flavescens</i>	GU185913	Argentina
	GU185920	
<i>Oligoryzomys fornesi</i>	GU185917	Argentina
	GU185918	
<i>Oligoryzomys fulvescens</i>	DQ227457	N/A
	EU258546	Suriname
<i>Oligoryzomys longicaudatus</i>	GU393998	Argentina
	JN034451	Chile
<i>Oligoryzomys messorius</i>	DQ826024	Brazil
<i>Oligoryzomys microtis</i>	AY439000	Bolivia
	EU192172	Bolivia
	EU258549	Brazil
	HM594624	Peru
	FJ374766	Brazil
<i>Oligoryzomys moojeni</i>	DQ826016	Brazil
	JQ013768	
	JQ013771	
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	EU258550	Paraguay
	GQ259905	Brazil
<i>Oligoryzomys rupestris</i>	JQ013763	Brazil
	JQ013764	
<i>Oligoryzomys</i> sp. RR-2010a	HM594618	Brazil
<i>Oligoryzomys</i> sp. 1 MIC210	EU192167	Argentina
<i>Oligoryzomys</i> sp. 2 MIC203	EU192169	Argentina
<i>Oligoryzomys</i> sp. B MUSA2625	EU192159	Peru
<i>Oligoryzomys</i> sp. MN37756	DQ826025	Brazil
<i>Oligoryzomys stramineus</i>	JQ013747	Brazil
<i>Oligoryzomys vegetus</i>	EU192165	Costa Rica
<i>Oligoryzomys magellanicus</i>	AY275705	N/A

Supplemental Table 3. Pairwise percent genetic distance for the L segment (A), M segment (B) and S segment (C) of all *Sigmodontinae*-borne hantaviruses. Amino acid distances are above the diagonal and nucleotide distances are below. The sequences generated in this study are shown in red, all partial sequences are indicated with an *.

A

	LANV-2	LANV*	CASV*	CASV-2	ANDV	SNV	CCV	CHOV	MAPV	RIOMV-4	MARV	RIOMV	MONV	CARV
LANV-2		0.030	0.090	0.115	0.110	0.145	0.146	0.114	0.096	0.070	0.060	0.059	0.168	0.164
LANV*	0.213		0.255	0.146	0.103	0.155	0.141	0.151	0.123	0.081	0.050	0.075	0.154	0.188
CASV*	0.300	0.395		0.023	0.049	0.110	0.113	0.111	0.090	0.082	0.083	0.079	0.139	0.141
CASV-2	0.303	0.338	0.192		0.064	0.148	0.149	0.143	0.116	0.107	0.107	0.109	0.177	0.175
ANDV	0.293	0.267	0.265	0.270		0.145	0.147	0.132	0.118	0.106	0.101	0.104	0.177	0.166
SNV	0.324	0.327	0.315	0.339	0.331		0.009	0.154	0.146	0.152	0.140	0.143	0.143	0.139
CCV	0.320	0.329	0.316	0.348	0.341	0.133		0.154	0.145	0.152	0.137	0.142	0.143	0.139
CHOV	0.324	0.333	0.327	0.333	0.319	0.340	0.329		0.122	0.120	0.120	0.116	0.179	0.167
MAPV	0.302	0.308	0.297	0.300	0.308	0.340	0.340	0.317		0.100	0.098	0.095	0.163	0.164
RIOMV-4	0.265	0.245	0.301	0.297	0.307	0.355	0.349	0.321	0.291		0.054	0.043	0.172	0.161
MARV	0.258	0.228	0.297	0.316	0.307	0.352	0.339	0.308	0.293	0.232		0.043	0.163	0.154
RIOMV	0.251	0.259	0.282	0.303	0.303	0.338	0.338	0.318	0.294	0.211	0.215		0.158	0.155
MONV	0.339	0.331	0.330	0.354	0.353	0.331	0.321	0.360	0.350	0.351	0.338	0.338		0.146
CARV	0.337	0.356	0.326	0.353	0.342	0.320	0.332	0.332	0.330	0.337	0.333	0.331	0.306	

B (page 1 of 2)

	MAPV	CHOV	LANV	LANV-2	ALPA*	RIOMV-4	RIOMV-3*	RIOMV Peru	MARV	RIOMV Bolivia*	JUQV-like*	ANDV	TUNV*	CASV-2	CASV*
MAPV		0.194	0.211	0.208	0.098	0.189	0.110	0.175	0.173	0.110	0.081	0.176	0.111	0.185	0.147
CHOV	0.367		0.209	0.208	0.068	0.201	0.139	0.191	0.202	0.068	0.108	0.200	0.132	0.203	0.149
LANV	0.359	0.389		0.041	0.062	0.104	0.061	0.092	0.097	0.045	0.086	0.149	0.102	0.153	0.122
LANV-2	0.362	0.376	0.197		0.051	0.102	0.055	0.096	0.099	0.062	0.073	0.153	0.100	0.153	0.116
ALPA*	0.258	0.266	0.267	0.308		0.034	0.051	0.051	0.039	0.056	0.039	0.08	0.046	0.062	0.045
RIOMV-4	0.342	0.367	0.278	0.276	0.244		0.026	0.050	0.053	0.034	0.076	0.142	0.083	0.137	0.103
RIOMV-3*	0.302	0.345	0.275	0.262	0.228	0.193		0.019	0.027	0.028	0.070	0.100	0.088	0.099	0.093
RIOMV Peru	0.331	0.357	0.274	0.283	0.228	0.214	0.195		0.039	0.006	0.067	0.138	0.093	0.134	0.097
MARV	0.343	0.360	0.278	0.276	0.255	0.236	0.214	0.226		0.028	0.054	0.137	0.085	0.133	0.101
RIOMV Bolivia*	0.249	0.283	0.230	0.276	0.230	0.209	0.216	0.002	0.217		0.062	0.074	0.074	0.085	0.062
JUQV-like*	0.272	0.271	0.302	0.284	0.250	0.284	0.269	0.270	0.256	0.280		0.056	0.041	0.054	0.048
ANDV	0.343	0.367	0.338	0.326	0.292	0.334	0.307	0.315	0.310	0.259	0.267		0.076	0.088	0.082
TUNV*	0.285	0.288	0.265	0.281	0.263	0.264	0.296	0.245	0.282	0.223	0.256	0.232		0.040	0.055
CASV-2	0.346	0.376	0.335	0.342	0.270	0.316	0.315	0.318	0.309	0.275	0.271	0.255	0.141		0.066
CASV*	0.313	0.335	0.299	0.295	0.274	0.288	0.293	0.295	0.302	0.267	0.258	0.28	0.192	0.199	
CASV*	0.307	0.325	0.286	0.299	0.277	0.286	0.293	0.294	0.301	0.267	0.258	0.266	0.193	0.194	0.008
Hu39694	0.326	0.367	0.331	0.324	0.309	0.326	0.311	0.321	0.319	0.276	0.240	0.262	0.226	0.259	0.266
PERV*	0.306	0.318	0.281	0.288	0.297	0.303	0.284	0.303	0.287	0.271	0.253	0.275	0.238	0.271	0.263
MACV*	0.320	0.340	0.317	0.324	0.280	0.313	0.341	0.308	0.317	0.312	0.275	0.252	0.248	0.280	0.269
ARQV*	0.305	0.336	0.294	0.288	0.297	0.310	0.30	0.300	0.282	0.284	0.289	0.249	0.248	0.246	0.270
ORNV	0.340	0.362	0.325	0.324	0.262	0.330	0.292	0.318	0.309	0.256	0.226	0.269	0.243	0.277	0.261
BMJV*	0.313	0.317	0.303	0.313	0.314	0.306	0.290	0.286	0.263	0.276	0.252	0.252	0.245	0.256	0.266
BMJV-NEBU*	0.251	0.300	0.279	0.255	0.308	0.271	0.272	0.265	0.255	0.267	0.221	0.226	0.211	0.239	0.239
LECV	0.332	0.371	0.326	0.323	0.303	0.314	0.281	0.316	0.326	0.264	0.251	0.268	0.231	0.258	0.256

(page 2 of 2)

	CASV*	Hu 39694	PERV*	MACV*	ARQV*	ORNV	BMJV*	BMJV-NEBU*	LECV
MAPV	0.124	0.176	0.116	0.135	0.110	0.177	0.101	0.056	0.164
CHOV	0.128	0.208	0.147	0.169	0.140	0.201	0.138	0.080	0.193
LANV	0.110	0.150	0.111	0.116	0.094	0.150	0.108	0.068	0.147
LANV-2	0.102	0.150	0.109	0.123	0.105	0.145	0.104	0.074	0.146
ALPA*	0.045	0.063	0.062	0.076	0.092	0.062	0.068	0.062	0.057
RIOMV-4	0.099	0.131	0.126	0.124	0.102	0.135	0.107	0.062	0.125
RIOMV-3*	0.092	0.096	0.112	0.115	0.092	0.088	0.089	0.057	0.078
RIOMV Peru	0.091	0.132	0.108	0.115	0.105	0.128	0.092	0.057	0.121
MARV	0.096	0.127	0.108	0.109	0.097	0.119	0.078	0.045	0.114
RIOMV Bolivia*	0.062	0.063	0.074	0.093	0.104	0.062	0.068	0.062	0.057
JUQV-like*	0.046	0.036	0.051	0.081	0.072	0.033	0.038	0.022	0.033
ANDV	0.073	0.084	0.089	0.105	0.082	0.084	0.061	0.028	0.073
TUNV*	0.052	0.050	0.074	0.092	0.067	0.050	0.064	0.045	0.052
CASV-2	0.054	0.083	0.093	0.109	0.079	0.093	0.073	0.050	0.072
CASV*	0.004	0.084	0.096	0.101	0.077	0.080	0.077	0.022	0.074
CASV*		0.064	0.075	0.087	0.074	0.060	0.063	0.022	0.054
Hu39694	0.256		0.069	0.094	0.072	0.061	0.028	0.017	0.046
PERV*	0.267	0.260		0.080	0.056	0.063	0.075	0.045	0.069
MACV*	0.261	0.255	0.277		0.080	0.09	0.096	0.081	0.089
ARQV*	0.263	0.266	0.237	0.247		0.061	0.069	0.051	0.064
ORNV	0.249	0.225	0.275	0.261	0.263		0.030	0.011	0.047
BMJV*	0.259	0.217	0.254	0.274	0.264	0.213		0.011	0.017
BMJV-NEBU*	0.234	0.225	0.218	0.252	0.236	0.208	0.102		0.006
LECV	0.242	0.227	0.250	0.268	0.265	0.223	0.126	0.121	

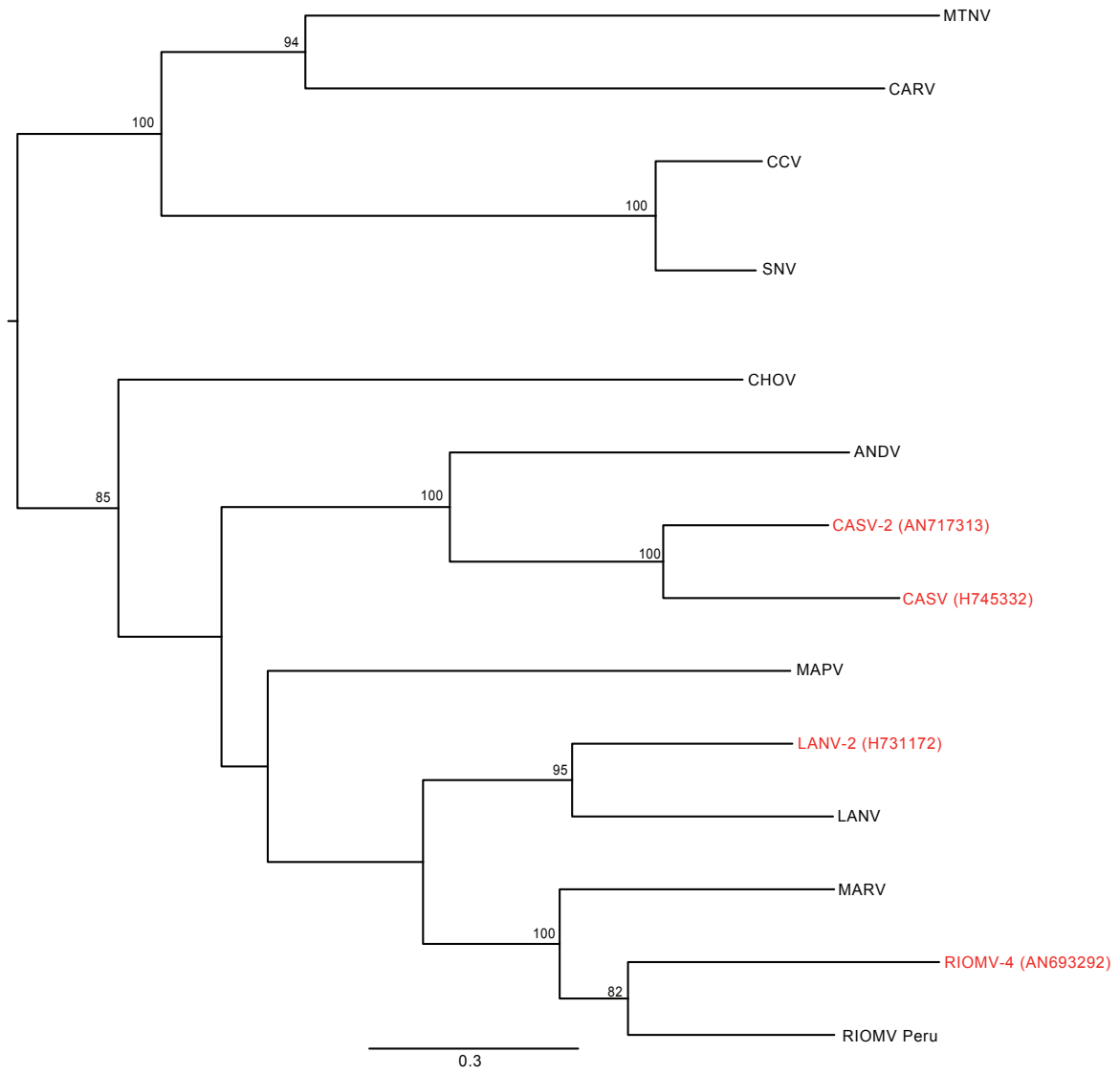
C (page 1 of 2)

	MAPV	CHOV	JABV*	JABV	AAIV*	LANV	LANV-like	LANV-2	ALPA	RIOMM*	ANJV*	ANJV	RIOMV-4	RIOMV-3	RIOMV Peru	MARV	RIOMV Bolivia
MAPV		0.113	0.137	0.112	0.147	0.111	0.108	0.110	0.107	0.119	0.060	0.085	0.090	0.088	0.087	0.092	0.087
CHOV	0.265		0.148	0.123	0.154	0.130	0.129	0.126	0.132	0.147	0.059	0.111	0.117	0.111	0.109	0.113	0.119
JABV*	0.281	0.303		0.018	0.012	0.149	0.135	0.138	0.122	0.119	0.060	0.120	0.130	0.120	0.120	0.116	0.120
JABV	0.251	0.281	0.135		0.018	0.131	0.125	0.128	0.101	0.116	0.058	0.094	0.102	0.095	0.095	0.090	0.100
AAIV*	0.276	0.305	0.044	0.126		0.154	0.140	0.143	0.124	0.123	0.073	0.125	0.132	0.122	0.122	0.120	0.129
LANV	0.264	0.252	0.310	0.286	0.299		0.030	0.033	0.080	0.103	0.037	0.079	0.079	0.062	0.074	0.071	0.069
LANV-like	0.266	0.247	0.290	0.278	0.293	0.157		0.002	0.077	0.095	0.044	0.074	0.081	0.069	0.076	0.071	0.069
LANV-2	0.263	0.249	0.290	0.285	0.291	0.157	0.014		0.079	0.095	0.044	0.076	0.084	0.071	0.078	0.074	0.072
ALPA	0.269	0.248	0.281	0.253	0.281	0.251	0.221	0.225		0.050	0.029	0.042	0.042	0.038	0.035	0.045	0.038
RIOMM*	0.254	0.291	0.286	0.273	0.294	0.252	0.251	0.254	0.233		0.037	0.046	0.060	0.053	0.050	0.057	0.057
ANJV*	0.244	0.278	0.245	0.232	0.232	0.248	0.222	0.221	0.229	0.222		0.000	0.044	0.029	0.022	0.029	0.022
ANJV	0.236	0.274	0.277	0.253	0.282	0.234	0.199	0.203	0.199	0.194	0.010		0.042	0.033	0.028	0.037	0.035
RIOMV-4	0.240	0.260	0.304	0.274	0.301	0.223	0.219	0.222	0.211	0.223	0.211	0.159		0.026	0.026	0.033	0.023
RIOMV-3	0.241	0.252	0.269	0.268	0.282	0.209	0.227	0.228	0.198	0.209	0.199	0.157	0.146		0.016	0.023	0.023
RIOMV Peru	0.221	0.246	0.269	0.261	0.264	0.216	0.224	0.223	0.212	0.197	0.208	0.158	0.173	0.148		0.025	0.021
MARV	0.255	0.279	0.272	0.271	0.293	0.215	0.212	0.218	0.217	0.229	0.233	0.190	0.187	0.181	0.172		0.023
RIOMV Bolivia	0.213	0.265	0.268	0.266	0.283	0.202	0.215	0.217	0.213	0.209	0.217	0.157	0.139	0.152	0.141	0.158	
JUQV	0.226	0.272	0.284	0.276	0.288	0.241	0.248	0.248	0.279	0.269	0.251	0.231	0.232	0.237	0.244	0.236	0.246
ARAUV	0.234	0.269	0.288	0.254	0.283	0.247	0.250	0.250	0.251	0.277	0.244	0.229	0.241	0.229	0.251	0.244	0.250
JUQV-Like*	0.269	0.261	0.253	0.252	0.277	0.264	0.293	0.297	0.281	0.322	0.253	0.252	0.265	0.289	0.264	0.277	0.279
ANDV	0.237	0.251	0.286	0.259	0.284	0.249	0.258	0.256	0.243	0.249	0.248	0.244	0.253	0.248	0.242	0.261	0.238
TUNV	0.243	0.254	0.289	0.271	0.291	0.240	0.243	0.244	0.232	0.268	0.289	0.252	0.234	0.248	0.235	0.270	0.236
CASV-2	0.249	0.262	0.293	0.274	0.297	0.225	0.252	0.252	0.257	0.264	0.250	0.240	0.237	0.228	0.239	0.249	0.227
CASV	0.259	0.263	0.307	0.276	0.309	0.260	0.248	0.251	0.250	0.266	0.268	0.257	0.248	0.268	0.273	0.279	0.272
CASV*	0.219	0.238	0.276	0.265	0.275	0.229	0.218	0.216	0.217	0.241	0.261	0.210	0.190	0.225	0.223	0.236	0.220
PERV	0.248	0.260	0.310	0.296	0.310	0.256	0.246	0.246	0.270	0.287	0.226	0.234	0.270	0.257	0.266	0.269	0.245
MACV	0.267	0.264	0.303	0.282	0.296	0.268	0.273	0.275	0.275	0.299	0.259	0.252	0.258	0.270	0.261	0.266	0.258
ARQV*	0.213	0.222	0.280	0.259	0.277	0.214	0.238	0.236	0.242	0.258	0.256	0.233	0.215	0.239	0.227	0.220	0.205
PARV*	0.219	0.224	0.288	0.244	0.274	0.224	0.240	0.236	0.252	0.248	0.252	0.237	0.238	0.249	0.239	0.241	0.227
ORNV	0.238	0.245	0.307	0.278	0.304	0.245	0.266	0.268	0.255	0.277	0.229	0.225	0.243	0.240	0.226	0.246	0.222
BMJV	0.261	0.258	0.311	0.267	0.315	0.244	0.266	0.267	0.258	0.273	0.261	0.231	0.244	0.241	0.241	0.245	0.237
BMJV-NEBU	0.242	0.255	0.312	0.262	0.312	0.223	0.248	0.253	0.247	0.284	0.247	0.233	0.240	0.246	0.241	0.222	0.228
LECV	0.244	0.258	0.305	0.269	0.294	0.237	0.251	0.250	0.244	0.284	0.254	0.230	0.249	0.238	0.226	0.240	0.229
ACPV*	0.258	0.227	0.279	0.270	0.279	0.219	0.280	0.276	0.265	0.278	0.253	0.247	0.268	0.280	0.245	0.237	0.250

(page 2 of 2)

	JUQV	ARAUV	JUQV-Like*	ANDV	TUNV	CASV-2	CASV	CASV*	PERV	MACV	ARQV*	PARV*	ORNV	BMJV	BMJV-NEBU	LECV	ACPV*
MAPV	0.116	0.094	0.065	0.088	0.093	0.100	0.101	0.056	0.097	0.103	0.076	0.070	0.096	0.090	0.097	0.087	0.030
CHOV	0.141	0.118	0.072	0.104	0.114	0.101	0.109	0.061	0.111	0.117	0.061	0.065	0.106	0.095	0.103	0.098	0.029
JABV*	0.145	0.145	0.064	0.142	0.141	0.134	0.147	0.080	0.160	0.157	0.105	0.097	0.148	0.140	0.150	0.143	0.059
JABV	0.144	0.118	0.063	0.118	0.123	0.116	0.126	0.080	0.135	0.127	0.104	0.096	0.124	0.118	0.126	0.121	0.059
AAIV*	0.154	0.154	0.071	0.151	0.151	0.144	0.157	0.085	0.169	0.166	0.109	0.105	0.157	0.150	0.160	0.153	0.067
LANV	0.120	0.102	0.063	0.100	0.102	0.102	0.116	0.085	0.107	0.123	0.095	0.098	0.103	0.104	0.112	0.107	0.059
LANV-like	0.120	0.099	0.063	0.102	0.097	0.107	0.110	0.085	0.097	0.110	0.095	0.097	0.095	0.097	0.104	0.099	0.059
LANV-2	0.123	0.102	0.063	0.100	0.100	0.104	0.108	0.085	0.094	0.112	0.095	0.102	0.092	0.094	0.101	0.097	0.059
ALPA	0.142	0.114	0.071	0.110	0.112	0.112	0.125	0.094	0.110	0.112	0.105	0.097	0.109	0.112	0.119	0.114	0.074
RIOMM*	0.131	0.131	0.097	0.132	0.137	0.126	0.149	0.091	0.133	0.147	0.105	0.103	0.132	0.132	0.143	0.136	0.075
ANJV*	0.059	0.059	0.063	0.044	0.059	0.051	0.081	0.070	0.051	0.066	0.062	0.059	0.051	0.066	0.081	0.066	0.060
ANJV	0.112	0.086	0.063	0.092	0.107	0.107	0.121	0.089	0.104	0.110	0.100	0.092	0.102	0.104	0.112	0.107	0.059
RIOMV-4	0.133	0.107	0.088	0.095	0.107	0.100	0.113	0.075	0.106	0.112	0.095	0.088	0.100	0.102	0.110	0.105	0.074
RIOMV-3	0.112	0.091	0.080	0.083	0.097	0.095	0.113	0.085	0.107	0.113	0.095	0.088	0.094	0.094	0.102	0.097	0.067
RIOMV Peru	0.122	0.099	0.079	0.093	0.108	0.103	0.123	0.090	0.107	0.110	0.096	0.088	0.102	0.104	0.112	0.107	0.066
MARV	0.122	0.101	0.088	0.092	0.105	0.100	0.116	0.090	0.104	0.107	0.095	0.088	0.100	0.099	0.107	0.102	0.066
RIOMV Bolivia	0.126	0.102	0.080	0.092	0.105	0.098	0.121	0.085	0.104	0.110	0.095	0.088	0.097	0.099	0.107	0.097	0.066
JUQV		0.000	0.008	0.055	0.045	0.063	0.067	0.051	0.082	0.083	0.060	0.065	0.039	0.051	0.060	0.054	0.029
ARAUV	0.037		0.008	0.047	0.042	0.057	0.062	0.051	0.071	0.071	0.060	0.065	0.035	0.044	0.051	0.047	0.029
JUQV-Like*	0.103	0.086		0.023	0.031	0.047	0.055	0.047	0.023	0.039	0.024	0.031	0.023	0.039	0.055	0.039	0.039
ANDV	0.201	0.193	0.245		0.040	0.042	0.050	0.018	0.050	0.061	0.037	0.039	0.033	0.033	0.040	0.035	0.015
TUNV	0.199	0.206	0.235	0.188		0.026	0.028	0.014	0.054	0.059	0.051	0.047	0.026	0.023	0.030	0.025	0.007
CASV-2	0.193	0.187	0.218	0.174	0.132		0.023	0.009	0.061	0.071	0.055	0.056	0.035	0.023	0.030	0.026	0.007
CASV	0.199	0.196	0.262	0.193	0.144	0.146		0.005	0.062	0.074	0.060	0.060	0.042	0.030	0.037	0.033	0.014
CASV*	0.176	0.170	0.258	0.161	0.119	0.116	0.008		0.037	0.046	0.055	0.051	0.027	0.018	0.032	0.018	0.007
PERV	0.211	0.213	0.216	0.213	0.216	0.216	0.226	0.191		0.040	0.042	0.043	0.040	0.042	0.049	0.044	0.015
MACV	0.230	0.228	0.264	0.217	0.214	0.233	0.220	0.202	0.195		0.018	0.017	0.054	0.056	0.063	0.059	0.029
ARQV*	0.197	0.191	0.232	0.170	0.171	0.176	0.213	0.210	0.160	0.153		0.005	0.037	0.046	0.060	0.046	0.030
PARV*	0.200	0.203	0.259	0.187	0.181	0.193	0.203	0.202	0.178	0.157	0.073		0.038	0.047	0.060	0.047	0.022
ORNV	0.184	0.194	0.228	0.184	0.183	0.185	0.195	0.169	0.192	0.204	0.178	0.183		0.012	0.018	0.014	0.015
BMJV	0.195	0.190	0.239	0.180	0.184	0.165	0.175	0.149	0.207	0.208	0.192	0.216	0.139		0.007	0.002	0.000
BMJV-NEBU	0.195	0.198	0.245	0.194	0.168	0.151	0.190	0.166	0.208	0.208	0.190	0.217	0.143	0.074		0.009	0.014
LECV	0.198	0.195	0.240	0.175	0.178	0.155	0.167	0.143	0.193	0.205	0.201	0.213	0.140	0.090	0.106		0.000
ACPV*	0.238	0.230	0.246	0.253	0.216	0.233	0.215	0.219	0.188	0.231	0.240	0.255	0.192	0.105	0.139	0.121	

Supplemental Figure 1. ML phylogeny of the RdRp gene (L segment). BSV values > 70 are shown above each node.

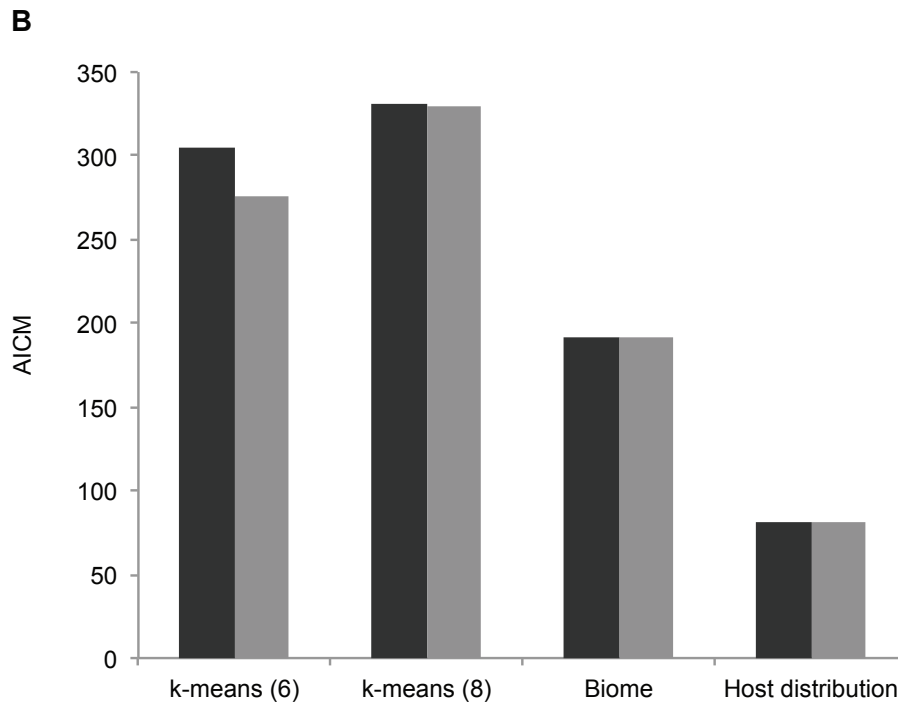
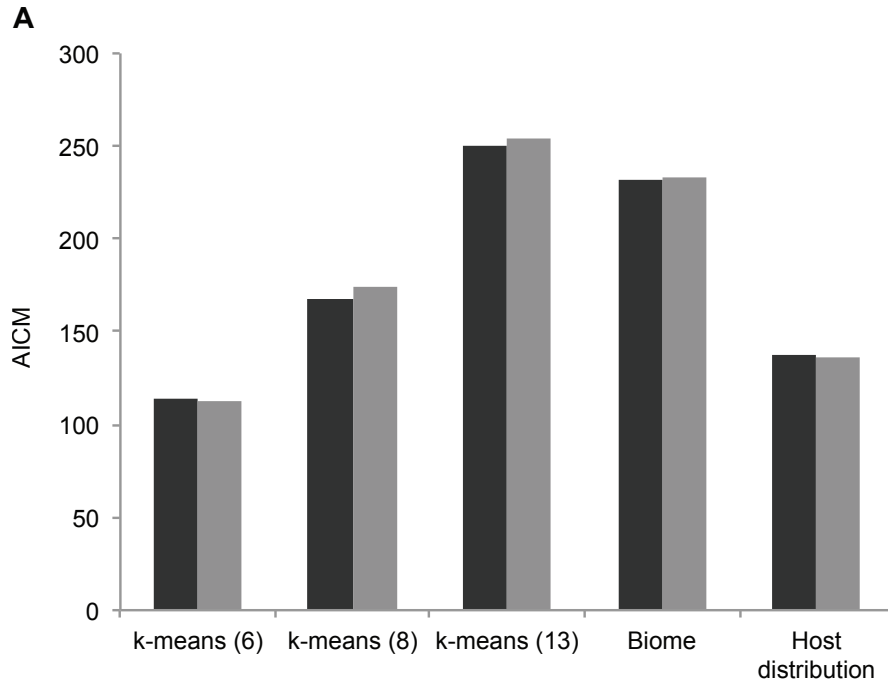


Supplemental Figure 2. Methods and results of the Bayesian phylogeographic models.

a) K-means (6) clustering of all South American hantaviruses (SAmC).

Virus	Group
ACPV	6
ALPA	2
ANDV	4
ANJV	1
ARAUV	5
ARQV	5
BMJV	2
BMJV-NEBU	2
CASV	3
CASV-2	3
ITPV 16	2
ITPV 37	2
ITPV 38	2
JABV	2/5
JUQV	2
LANV	2
LANV-2	3
LECV	6
MACV	6
MARV	1
ORNV	2
PARV	5
PERV	6
RIOMM	1
RIOMV	3
RIOMV-3	3
RIOMV-4	3
TUNV	3

b) Values of the posterior-simulation Akaike information criterion (AICM) for each geographic distribution model of (A) SAmC, and (B) ANDV clade hantaviruses only (AVC). AICM values for each metric of geographic classification are given for priors informed by the normalized inverse distance between the centroids of the total geographical area for each location state (light grey) and for priors set to equal rates of migration between all location states (dark grey).



c) Significant migration routes (BF > 5) for (A) SAmC and (B) AVC. The numbers of individual migration events are shown in parentheses.

A

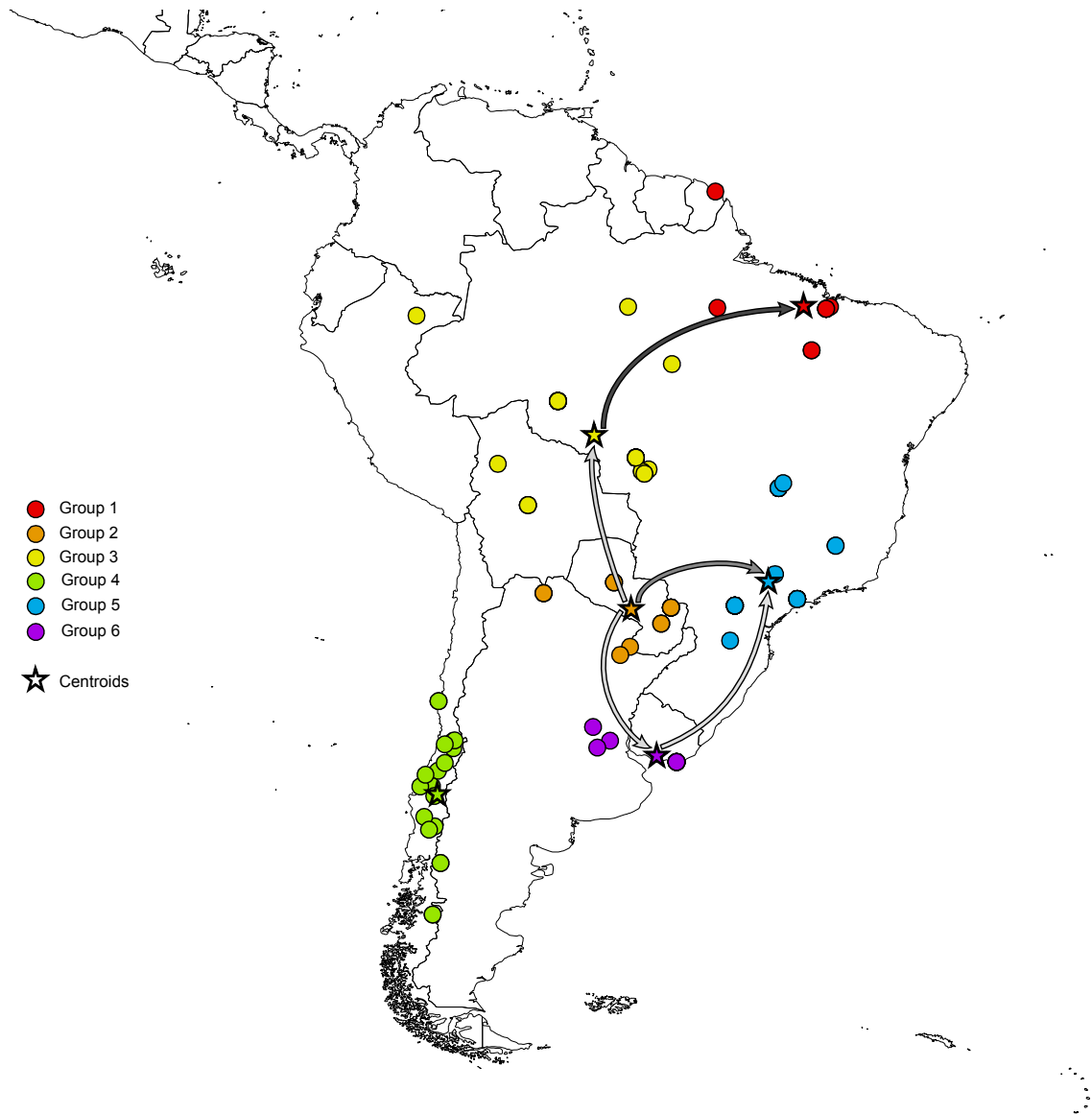
K-means (6)	Group 1 (NE Brazil & Fr. Guiana)	Group 2 (SC Brazil, Bolivia, Paraguay)	Group 3 (NC Brazil)	Group 5 (E Brazil)	Group 6 (Uruguay & N Argentina)
Group 1	-				
Group 2		-	13 (3)	48 (2)	9 (2)
Group 3	78 (3)		-		
Group 5				-	
Group 6				6 (1)	-

Host distribution	N. benefactus	N. lasiurus	O. chacoensis	O. flavescens	O. microtis	O. fornesi	A. azarae
N. benefactus	-	8 (1)					
N. lasiurus		-					
O. chacoensis			-	10 (1)			
O. flavescens			13 (1)	-			
O. microtis						8 (1)	
O. fornesi							
A. azarae	5 (1)						-

B

Host distribution	N. benefactus	N. lasiurus	O. chacoensis	O. flavescens
N. benefactus	-	6 (1)		
N. lasiurus		-		
O. chacoensis			-	7 (1)
O. flavescens			8 (1)	-

d) Significant migrations rates for SAMC with k-means (6). The intensity of the arrow color is proportional to the Bayes Factor.



Supplemental Figure 3. Neighbor-joining tree of the short fragment (n = 31, 435 nt) of all available LANV and LANV-2 nucleocapsid sequences. The taxon shown in red is the original LANV strain from Paraguay, while the taxon shown in blue is the first representative of LANV-2 from Brazil (originally Laguna Negra-like virus). The three taxa in green are from *Calomys callidus*, described as the host of LANV. The sequences in purple are from the same HPS case, sequenced independently in Rosa et al. 2012 and this study. With the addition of LANV-2 sequence HMT 08, the separation between LANV and LANV-2 is clearly visible. The scale bar indicates the total number of substitutions.

