

Fig. S1 E (XSR) miRNA sequences are conserved

	E (XSR) miRNA-5p	loop region	E (XSR) miRNA-3p	
Z46390.1	-----TGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	68
HM452342.1	-----GTTTTGCCTTGGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGA	-----ATTG	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGCTGGCCA--	78
AY689449.1	-----GTTTTGTCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----A	-----CTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	66
L29199.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGACGGCCAGA	74
V01169.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGACGGCCAGA	74
D10652.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGACGGCCAGA	74
U41727.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGACGGCCAGA	74
AF052428.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGACGGCCAGA	80
K00928.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGACGGCCAGA	74
DQ365814.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCAGA	74
HM776937.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCAGA	74
M30022.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTAG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCAGA	74
X12707.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGG----	69
X06198.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGG----	69
X15345.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	78
X52822.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
M14897.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
J02342.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	78
M21955.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
M16582.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
AF033808.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	78
V01197.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
X13818.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
X51863.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
X68524.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
X51861.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
L21974.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
M21526.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
K03523.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
M16581.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCACCAGGATAGTCTGATGGCCA--	72
AB303223.1	-----GTTTCGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGGCTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
GU982308.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGGG	TTATCGAGAATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	83
AY689466.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACAGGAGGCAGCTGGATGGTCTGATGGCCA--	66
GU982309.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
GU982310.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	78
GU982307.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	81
AF257655.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCAGATGGTCTGATGGCCA--	72
HM600813.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
HM600812.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
HM235668.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	78
HM582657.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGAGAGCGGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689454.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
AY027920.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
AF305091.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
AY689444.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----ATTA	--GGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
AY689449.1	-----TGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	70
AY689441.1	-----TTGCCTTAGACTATTCAAATGGCTCGGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATGATCTGATGGCCA--	71
AY689456.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGAAGGCAGCTGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689455.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGAAGGCAGCTGGATGGTCTGATGGCCA--	80
AY689445.1	-----TTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGAAGGCRCCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	72
AF307949.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689467.1	-----TTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	71
AY689447.1	-----GTTTT-CCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTGGATGGTCTGATGGCCA--	73
AY689460.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689462.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGCGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689452.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTATGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689442.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTA	-----	-----GACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	64
EU264064.1	-----GTTTCGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGATGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
FJ216405.1	-----GTTTCGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGATGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
EU264065.1	-----GTTTCGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGATGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	74
AY689468.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATAGTCTGATGGCCA--	74
AY689438.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATAGTCTGATGGCCA--	80
AY689450.1	-----GTTTTGCCTTAGACTATTCAAGTTGCCTCTGTGG	-----	-----ACTGGTGGACTGGAGGCAGCTCGGATAGTCTGATGGYCA--	74
AY689465.1	-----GTTTTGCCTTAGAYATTCAAGTTGCCTCTG	-----	-----TGGACTGGAGGCAGCTCGGATGGTCTGATGGCCA--	66

Supplementary Figure S1

Sequence alignment of all E (XSR) pre-miRNA sequences of ALV-J and RSV strains available in the GenBank showing positions of the mature -5p and -3p miRNAs (shaded light blue). The changes in comparison with HPRS-103 sequences are underlined.