

Table S1. Genetic distances of the near full-length genomes of CFAV strains obtained from this study (Macapá 01 and Macapá 02) and recovered from GenBank.

Comparison	Genetic distance (standard error)
Macapá 01 versus GQ165810	0.001 (± 0.001)
Macapá 01 versus NC001564	0.022 (± 0.001)
Macapá 02 versus GQ165810	0.052 (± 0.003)
Macapá 01 versus Macapá 02	0.053 (± 0.002)

Genetic distances were estimated using maximum composite likelihood method plus gamma distribution. Variance was estimated using 500 bootstrap replications. Estimations were made using Mega software version 7.0.

Table S2. Characteristics of the near full-length genome sequence (number of amino acid—aa, and nucleotide—nt) of the strain Macapá 01 and its similarity (%) with sequences of flaviviruses from GenBank according to name of the flavivirus and accession number of each sequences and genome region.

Macapá 01	C		pr		M		E		NS1		NS2A		NS2B		NS3		NS4A		2k protein		NS4B		NS5		Polyprotein		
	128	384	91	273	56	168	430	1290	358	1074	239	717	149	447	587	1761	135	405	29	69	257	771	888	2664	3341	10023	
	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	aa	nt	
AeFV																											
NC012932	18,4	32,8	24,7	41,5	37,5	51,5	33,3	44,5	63,4	60,8	61,4	63	49,7	59,3	72,1	65,7	50,4	55,8	82,6	68	58,80	61,5	78,8	69,2	59,7	58	
CFAV																											
NC001564	92,2	94	97,8	97	100	98	98,8	96,3	99,4	95,3	98,7	98	97,3	98	98,8	97,7	100	97,3	100	98,6	99,2	97,5	98,6	97,5	98,6	97	
CxFV																											
NC008604	38,3	52,7	82,1	67,7	69,7	62,8	71,9	67,7	34,6	43,9	18,4	33,4	14,4	34,7	40,2	47,5	11,9	30,9	26,1	36,2	19,8	38,8	58,2	58,7	44	48,6	
DENV-2																											
NC001474	16,7	32,4	17,8	37	15,6	32,4	9,4	29,3	10	28	11,5	31,5	11,5	30,9	13	33	11,8	29	21,7	37,7	11,3	34,4	38,3	47,2	16,8	34	
YFV																											
NC002031	17,2	32	10,1	37,3	14,3	35,4	11,6	31,8	17,3	29	13,2	30,4	13,8	35,2	14,3	33,7	14	34,1	26,1	37,7	8,8	31,1	38	47	15,9	33,5	
ZIKV																											
NC012532	14,2	30,4	12,4	31,5	18,5	35,4	9,1	30,6	11,5	29,5	12,1	31,6	11,5	33,3	17,5	34,8	11,3	31,5	17,4	39,1	9,7	33,7	37,8	46,6	15,6	34,3	

Table S3. Characteristics of the near full-length genome sequence (number of amino acid—aa, and nucleotide—nt) of the strain Macapá 05 and its similarity (%) with sequences of flaviviruses from GenBank according to name of the flavivirus and accession number of each sequences and genome region.

Macapá 05	C		pr		M		E		NS1		NS2A		NS2B		NS3		NS4A		2k protein		NS4B		NS5		Polyprotein	
	414 nt	138 aa	252 nt	84 aa	180 nt	60 aa	1281 nt	427 aa	1179 nt	393 aa	606 nt	202 aa	438 nt	146 aa	1764 nt	588 aa	468 nt	156 aa	69 nt	23 aa	771 nt	257 aa	2667 nt	889 aa	10092 nt	3363 aa
AeFV NC012932	45,1	20	42,7	19,8	50,5	36,7	47,9	32,8	52,2	35,6	31,4	18,4	31,5	18,2	46,9	42,9	35,1	12,8	43,9	27,3	36,6	19,5	57,6	58,4	43	34,6
CFAV NC001564	53,4	39,1	67	72,6	65,5	69,6	66,7	70,5	52,1	34,9	35,2	20,9	36,1	15,1	47,3	44,3	30,6	11,9	37,9	22,7	37,9	20,2	58,5	57,3	50,4	43,4
CxFV NC008604	89,4	89,9	86,1	89,3	89,4	95	87,4	94,4	88	93,9	93,4	93,6	90,9	92,5	86,6	92,9	88,7	95,5	82,6	82,6	81,1	84	88,1	93,7	87,7	92,6
DENV-2 NC001474	37,7	14	39,3	13,1	39,9	16,7	41	10,2	43,6	17,6	30,5	21,2	35,5	22,2	31,9	31,4	29,9	18,3	39,1	30,4	29,8	10,5	45,1	37,3	34,3	17,8
YFV NC002031	42,8	15,7	44,4	11	40,7	15,8	41,6	11,7	44	20,4	31,1	23,5	35,1	20,1	32,6	30,2	31,2	12,7	36,2	21,7	32,1	11,3	45,1	35,9	34,6	17,5
ZIKV NC012532	38,3	14,8	46,1	11,9	44,5	15,8	43,1	9,4	43,6	17,6	30,5	31,3	35,6	12,6	35,2	31,7	31,5	12,6	42,4	18,2	31,1	12,4	46,6	38,1	34,9	17

