Supplemental Table A1

Mutations detected upon deep-sequencing of the polymerase protein region of HMPV genomes isolated from samples of hamsters untreated (H013; H014) and treated (H043;H044). Dark grey: mutation specific for treated animals; Light grey: mutations specific for untreated samples. NT: position on viral genome. NS: Non-synonymous mutation. NT: nasal turbinat; L: lung.

NT		NS	H013 NT	H013 L	H014 NT	H014 L	H043 NT	H043 L	H044 NT	H044 L
6683	C-G	Y		2,2		2,2				
6696	A-C	N	2,5							2,1
6698	A-G	Y								2,6
6716	G-A	Y			2,1					
6764	G-A	Y								3,4
6770	C-T	Y								2,6
6795	A-G	N					3,7			
6812	C-T	Y								2,7
6860	C-A	Y				2,1				
6867	A-G	N	37,5	68,6	25,0	30,7	38,8		16,3	22,7
6868	G-A	Y			4,5					
6873	C-T	N	38,6	71,3	25,9	33,7	39,5		17,4	26,4
6879	A-C	Y	4,0	3,1	5,2	3,3	2,4	2,7	3,5	3,9
6887	C-T	Y						2,3		
7007	G-A	-						3,1		
7053	C-T	-	2,3							
7062	C-T	-	3,6							
7064	C-T	-			8,5					
7114	C-T	-						4,0		
7120	C-T	-			6,8					
7122	C-T	-						2,7		
7150	C-G	-					2,8			
7151	C-T	-				2,9				
7187	C-T	N			9,2					
7211	C-T	N						5,3		
7309	T-A	Y	3,7					2,4	2,8	
7314	A-C	Y	4,9					2,4	3,6	
7323	C-T	Y			3,6					
7368	A-G	Y			8,2					
7445	G-A	N						2,9		
7629	A-C	Y		4,2						
7678	T-C	Y	2,2		2,2					
7871	G-A	N	54,6	49,3	37,1	33,4	70,3	38,6	59,3	48,3
7909	A-G	Y					5,8			
8262	C-T	Y						2,2		
8266	C-G	Y								2,9
8282	A-G	N	31,6	25,5	30,8	37,8	24,0	26,7	53,5	46,0
8335	G-T	Y	99,6	100,0	98,9	98,9	99,1	97,8	97,5	99,1
8446	G-A	Y	2,2				16,1			

NT		NS	H013 NT	H013 L	H014 NT	H014 L	H043 NT	H043 L	H044 NT	H044 L
8450	G-A	Y								2,8
8692	G-A	Y						2,3		
8700	C-T	Y						2,7		
8852	A-G	N				22,1	28,3		21,4	15,9
8557	A-C	Y	2,7							
8852	A-G	N	15,4	10,6	24,0			15,2		
8861	T-A	N	15,6	10,9	24,4	22,2	29,4	15,4	22,3	
8861	T-C	N							2,2	16,2
9366	A-T	Y					2,5			
9725	G-A	N						8,9		3,0
9726	G-C	Y			7,1	6,7			8,3	7,1
9877	A-T	Y		20,2						
9880	A-G	Y		2,6						
9972	C-T	Y	2,7							
9995	C-T	N		2,6						
10028	C-T	N						2,7		
10101	C-T	N	22,1	73,2	15,8	31,4	16,4	18,8	14,8	18,7
10194	T-C	N	79,5	29,3	86,3	71,9	83,8	81,0	86,7	83,9
10457	C-T	N								2,2
10528	G-A	Y								2,2
10681	G-A	Y	2,1							
10749	A-G	Y	58,1	61,2	58,4	64,9			53,2	57,0
10873	A-C	Y							6,8	
11096	C-T	N						10,3		
11172	G-A	Y	3,9							
11272	A-C	Y	2,3	2,3	2,2	2,5	2,4		2,4	
11281	G-T	Y							3,0	
11450	G-A	N			11,3					
11495	G-A	N								2,9
11790	C-T	Y			2,7					3,1
11795	G-A	N						3,5		
11923	C-T	Y						2,8		
12060	A-G	Y						10,8		
12203	C-T	N	99,4	99,1	98,9		100,0	100,0	100,0	99,5
12237	G-A	Y	2,5							
12245	C-T	N						2,7		
12320	A-T	Y	2,4						2,5	
12323	T-G	Y	2,4							
12344	T-C	N	100,0	99,7	100,0		100,0	100,0	100,0	100,0

Supplemental Table A2:

Mutations detected upon deep-sequencing of the nucleoprotein open reading frame of HMPV genomes isolated from samples of hamsters untreated (H013,H014,H015) and treated with T-705 (H041,H044,H045). NT=nasal turbinate.

Sample	Position and mutation	% of reads	Non-synonymous	Sample	Position and mutation	% of reads	Non-synonymous
H013 NT	61 C-T	99,9	No	**H013 lung**	61 C-T	100	No
	63 G-A	100,0	No		63 G-A	100	No
	355 A-C	3,2	Yes		355 A-C	6,7	Yes
	1065 A-T	2,4	No				
H014 NT	61 C-T	99,6	No	**H014 lung**	61 C-T	99,8	No
	63 G-A	99,8	No		63 G-A	100	No
	355 A-C	4,6	Yes		355 A-C	2,7	Yes
	577 C-T	2,5	No				
H015 NT	61 C-T	99,7	No	**H015 lung**	61 C-T	99,9	No
	63 G-A	99,9	No		63 G-A	99,9	No
	346 A-G	2,2	Yes		353 A-C	3,0	Yes
	353 A-C	3,5	Yes		355 A-C	8,3	Yes
	355 A-C	5,2	Yes		821 G-C	4,5	Yes
	821 G-C	3,1	Yes				
H041 NT	61 C-T	100	No	**H041 lung**	61 C-T	99,7	No
	63 G-A	100	No		63 G-A	99,9	No
	353 A-C	2,5	Yes		353 A-C	3,7	Yes
	355 A-C	6,3	Yes		355 A-C	5,8	Yes
	821 G-C	3,1	Yes		821 G-C	3,9	Yes
H044 NT	61 C-T	99,8	No	**H044 lung**	61 C-T	99,7	No
	63 G-A	99,8	No		63 G-A	99,8	No
	355 A-C	7,0	Yes		213 C-T	3,8	No
					355 A-C	4,3	Yes
					1137 C-A	8,0	Yes
H045 NT	61 C-T	99,8	No	**H045 lung**	61 C-T	100	No
	63 G-A	99,9	No		63 G-A	100	No
	355 A-C	4,0	Yes		355 A-C	6,8	Yes
					752 G-A	2,2	Yes