Таблица S1. Методические подходы, использованные в исследованиях, посвященных поиску микроРНК, потенциально способных связываться с геномами SARS-CoV-2 и других коронавирусов

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **№** | **Число проанализированных геномов SARS-CoV-2** | **Геномы других коронавирусов** | **Число проанализи-рованных микроРНК** | **Базы данных и инструменты для анализа микроРНК** | **Установленное число микроРНК, способных связываться с** **SARS-CoV-2** | **Источники** |
| 1 | 1 (MN908947) | MERS-CoV (NC\_019843), SARS-CoV (NC\_004718) | 2565 | miRBase v2.21; miRTarget | 3 | [1] |
| 2 | 24 из NCBI и GISAID | 4 SARS-CoV, в т.ч. NC\_004718.3 | *--* | miRDB | 873, из них 315 уникальных для SARS-CoV-2 | [2] |
| 3 | 60 | *Нет* | 2654 | miRBase | для + цепи вирусной РНК - 34 микроРНК и для минус цепи - 45  | [3] |
| 4 | 1 (MN908947.3.) | *Нет* | 2654 | miRBase v2.21; izMiR | 479 | [4] |
| 5 | 65 из NCBI и GISAID | *Нет* | *--* | *Не указано* | 10 | [5] |
| 6 | 1 (NC\_045512.2) | 1 SARS-CoV (NC\_004718.3), 1 MERS-CoV (NC\_019843.3, 4 низко-патогенных HCoV | 896  | miRBbase v2.21; RNA22 v2 | 28 уникальных для SARS-CoV-2 | [6] |
| 7 | 67 | 1 SARS-CoV (NC\_004718.3) | *--* | miRBase | 79 уникальных для SARS-CoV-2 | [7] |
| 8 | 1 референсный (NC\_045512.2); 8595 геномов из GISAID | *Нет* | *--* | miRBase v2.21; RNA22 v2 | 12 микроРНК, способных связываться с 3’-UTR генома SARS-CoV-2 | [8] |
| 9 | 1 (MTO49951.1) | *Нет* | 1872 | miRbase; RNAhybrid | 42 | [9] |
| 10 | 1 (NC\_045512.2) | *Нет* | *--* | miRDB; MirTarget, | Указаны 10 с наилучшими показателями связывания | [10] |
| 11 | 7 | 1 SARS-CoV (NC\_004718.3);1 MERS-CoV (KC164505.2) | *--* | VIRmiRNA; miRanda v3.3a | 9 | [11] |
| 12 | 1 (NC\_045512.2) | 1 SARS-CoV (NC\_004718.3);1 MERS-CoV (NC\_019843.3) | 2605 | TargetScan v7.2; RNA22 v2 | 128, из них 6 уникальных для SARS-CoV-2 | [12] |
| 13 | 1 (NC\_045512.2) | *Нет* | *--* | miRBase v2.21; miRanda, PITA, Targetscan и ComiR | 5 | [13] |
| 14 | 820 | *Нет* | 1019 | miRDB; RNAhybrid | 1019 | [14] |
| 15 | 1 референсный (NC\_045512.2); 34 217 геномов из GISAID | 693 генома бета-коронавирусов, включая SARS-CoV | *ND* | miRBase v2.21; TargetScan, psRNATarget, IntaRNA, RNA22, RNAhybrid | 8 микроРНК, способных связываться с 3’-UTR и 7 — с 5’-UTR генома SARS-CoV-2 | [15] |
| 16 | 10 | *Нет* | 2654 | miRBase database v22.1; miRanda tool v3.3a | 160, в т.ч. 15 — с более чем 3 сайтами связывания, 12 — со значительной свободной энергией связывания | [16] |

Примечание. NCBI - National Center for Biotechnology Information; GISAID – база данных, включающая сведения о генетической структуре вирусов гриппа и SARS-CoV-2; «--» информация не приведена.

Список литературы:

1. Ivashchenko A., Rakhmetullina A., Aisina D. (2020) How miRNAs can protect humans from coronaviruses COVID-19, SARS-CoV, and MERS-CoV. *Research Square*. Preprint.

2. Fulzele S., Sahay B., Yusufu I., Lee T.J., Sharma A., Kolhe R., Isales C.M. (2020) COVID-19 Virulence in Aged Patients Might Be Impacted by the Host Cellular MicroRNAs Abundance/Profile. *Aging Dis*. **11** (3), 509‒522.

3. Guterres A., de Azeredo Lima C.H., Miranda R.L., Gadelha M.R. (2020) What is the potential function of microRNAs as biomarkers and therapeutic targets in COVID-19? *Infect Genet Evol*. **85**, 104417.

4. Saçar Demirci M.D., Adan A. (2020) Computational analysis of microRNA-mediated interactions in SARS-CoV-2 infection. *PeerJ.* **8**, e9369.

5. Hosseini Rad Sm A., McLellan A.D. (2020) Implications of SARS-CoV-2 Mutations for Genomic RNA Structure and Host microRNA Targeting. *Int J Mol Sci*. **21** (13), 4807.

6. Bartoszewski R., Dabrowski M., Jakiela B., Matalon S., Harrod K.S., Sanak M., Collawn J.F. (2020) SARS-CoV-2 may regulate cellular responses through depletion of specific host miRNAs. *Am J Physiol Lung Cell Mol Physiol*. **319** (3), L444‒L455.

7. Khan M.A., Sany M., Islam M.S., Islam A. (2020) Epigenetic Regulator miRNA Pattern Differences Among SARS-CoV, SARS-CoV-2, and SARS-CoV-2 World-Wide Isolates Delineated the Mystery Behind the Epic Pathogenicity and Distinct Clinical Characteristics of Pandemic COVID-19. *Front Genet*. **11**, 765.

8. Mukherjee M., Goswami S. (2020) Global cataloguing of variations in untranslated regions of viral genome and prediction of key host RNA binding protein-microRNA interactions modulating genome stability in SARS-CoV-2. *PLoS One*. **15** (8), e0237559.

9. Balmeh N., Mahmoudi S., Mohammadi N., Karabedianhajiabadi A. (2020) Predicted therapeutic targets for COVID-19 disease by inhibiting SARS-CoV-2 and its related receptors. *Inform Med Unlocked*. **20**, 100407.

10. Haddad H., Walid Al-Zyoud. (2020) miRNA target prediction might explain the reduced transmission of SARS-CoV-2 in Jordan, Middle East. *Noncoding RNA Res*. **5** (3), 135‒143.

11. Sardar R., Satish D., Birla S., Gupta, D. (2020). Integrative analyses of SARS-CoV-2 genomes from different geographical locations reveal unique features potentially consequential to host-virus interaction, pathogenesis and clues for novel therapies. *Heliyon*. **6** (9), e04658.

12. Chow J.T., Salmena L. (2020) Prediction and Analysis of SARS-CoV-2-Targeting MicroRNA in Human Lung Epithelium. *Genes.* **11** (9), 1002.

13. Bertolazzi G., Cipollina C., Benos P.V., Tumminello M., Coronnello C. (2020) miR-1207-5p Can Contribute to Dysregulation of Inflammatory Response in COVID-19 via Targeting SARS-CoV-2 RNA. *Front Cell Infect Microbiol*. **10**, 586592.

14. Pierce J.B., Simion V., Icli B., Pérez-Cremades D., Cheng H.S., Feinberg M.W. (2020) Computational Analysis of Targeting SARS-CoV-2, Viral Entry Proteins ACE2 and TMPRSS2, and Interferon Genes by Host MicroRNAs. *Genes*. **11** (11), 1354.

15. Chan A.P., Choi Y., Schork N.J. (2020) Conserved Genomic Terminals of SARS-CoV-2 as Coevolving Functional Elements and Potential Therapeutic Targets. *mSphere*. **5** (6), e00754-20.

16. Jafarinejad-Farsangi S., Jazi M.M., Rostamzadeh F., Hadizadeh M. (2020) High affinity of host human microRNAs to SARS-CoV-2 genome: An *in silico* analysis. Noncoding RNA Res. **5** (4), 222‒231.