

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 проанализированных 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	<i>Нет</i>	2654	miRBase	для + цепи вирусной РНК - 34 микроРНК и для минус цепи - 45	[3]
4	1 (MN908947.3.)	<i>Нет</i>	2654	miRBase v2.21; izMiR	479	[4]
5	65 из NCBI и GISAID	<i>Нет</i>	--	<i>Не указано</i>	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	<i>Нет</i>	--	miRBase v2.21; RNA22 v2	12 микроРНК, способных связываться с 3'-UTR генома SARS-CoV-2	[8]

9	1 (MTO49951.1)	<i>Hem</i>	1872	miRbase; RNAhybrid	42	[9]
10	1 (NC_045512.2)	<i>Hem</i>	--	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)	<i>Hem</i>	--	miRBase v2.21; miRanda, PITA, Targetscan и ComiR	5	[13]
14	820	<i>Hem</i>	1019	miRDB; RNAhybrid	1019	[14]
15	1 референсный (NC_045512.2); 34 217 геномов из GISAID	693 генома бета-коронавирусов, включая SARS-CoV	<i>ND</i>	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	<i>Hem</i>	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., Coronello 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.