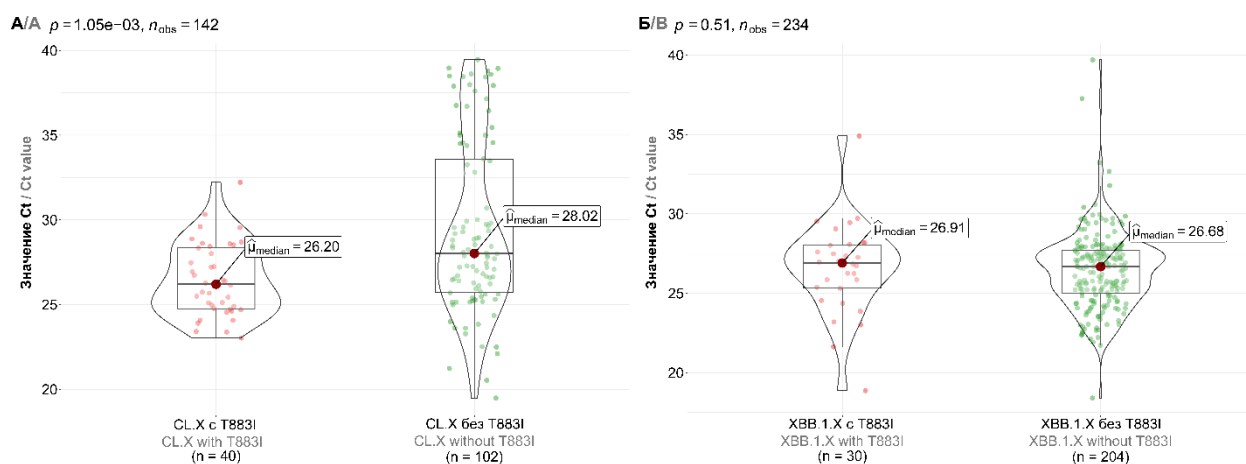


**Приложение к статье:** Кустова Д.Д., Почтовый А.А., Шпакова О.Г., Штинова И.А., Кузнецова Н.А., Клейменов Д.А., Комаров А.Г., Гушин В.А. Молекулярно-биологические закономерности сохранения циркуляции вируса SARS-CoV-2 в человеческой популяции. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-242>

**Supplementary to the article:** Kustova D.D., Pochtovyi A.A., Shpakova O.G., Shtinova I.A., Kuznetsova N.A., Kleimenov D.A., Komarov A.G., Gushchin V.A. The Molecular and Biological Patterns Underlying Sustained SARS-CoV-2 Circulation in the Human Population. DOI: <https://doi.org/10.36233/0507-4088-242>

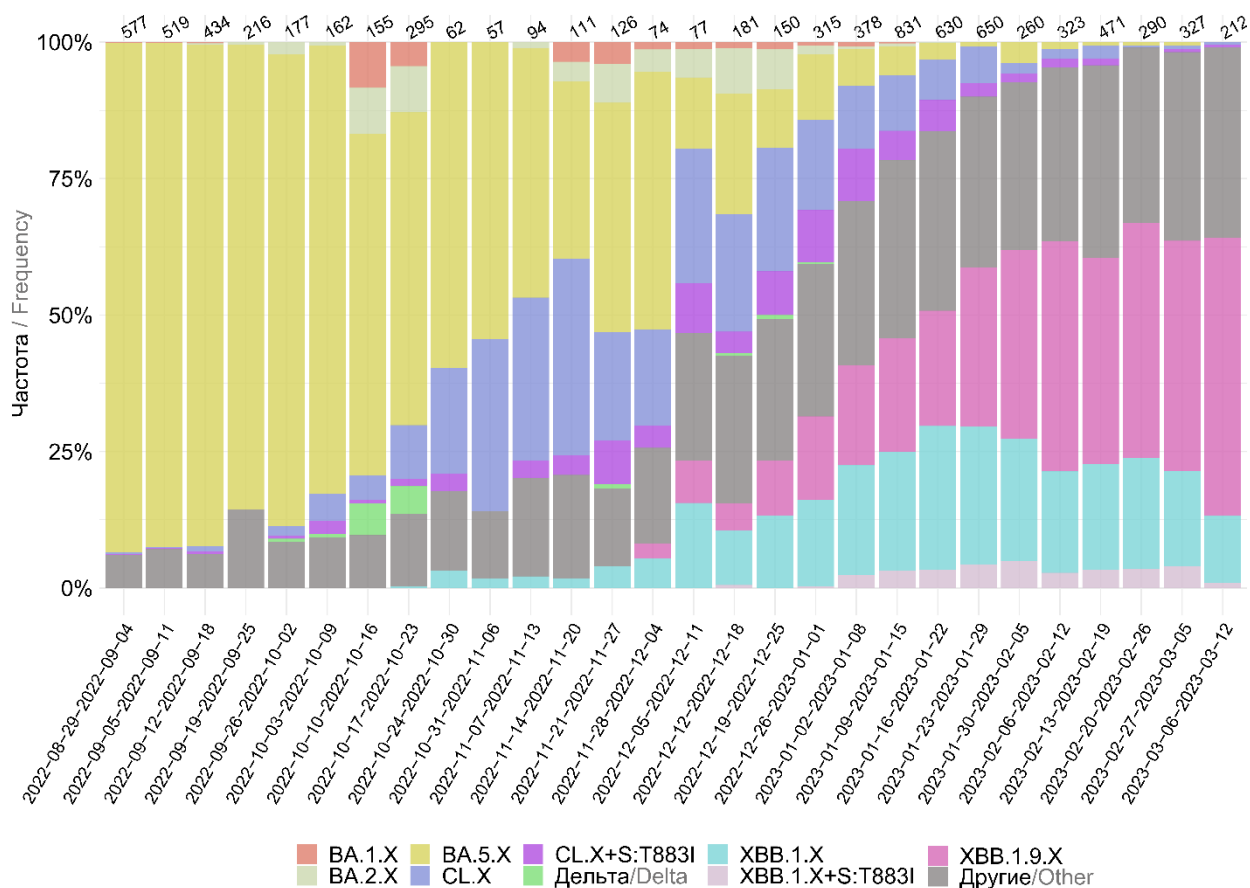


**Рис. S1.** Сравнение вирусной нагрузки между вариантами.

*a* – среди вариантов CL.X, обладающих в S-белке аминокислотной заменой T883I (слева) или нет (справа);  
*б* – среди вариантов XBB.1.X, обладающих в S-белке аминокислотной заменой T883I (слева) или нет (справа).  
По оси ординат отражено значение Ct, по оси абсцисс – варианты вируса и количество образцов.

**Fig. S1.** *Viral load comparison amongst variants.*

*a* – comparison of viral load in CL.X variants featuring an amino acid substitution T883I in the S-protein (left) versus those without the substitution (right); *b* – comparison of viral load in XBB.1.X variants featuring an amino acid substitution T883I in the S-protein (left) versus those without the substitution (right). The ordinate axis represents the Ct value, while the abscissa axis displays virus variants and the number of samples



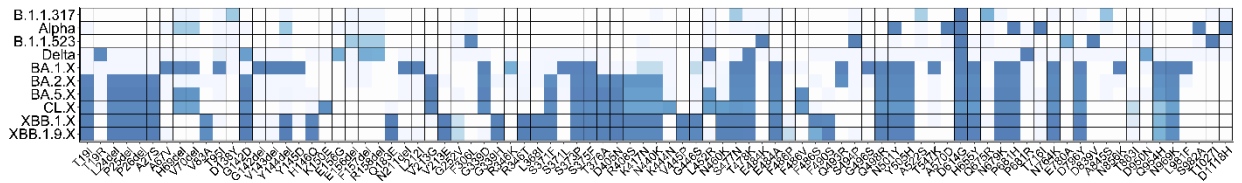
**Рис. S2.** Динамика генетических вариантов SARS-CoV-2 в Москве в период с конца августа 2022 г. по середину марта 2023 г.

Ось ординат отражает долю каждой из генетических линий, выраженную в процентах, ось абсцисс – периоды наблюдения (нед).

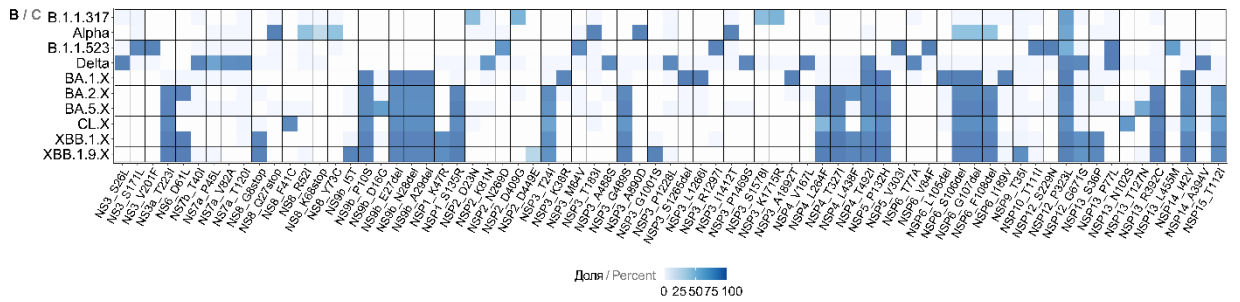
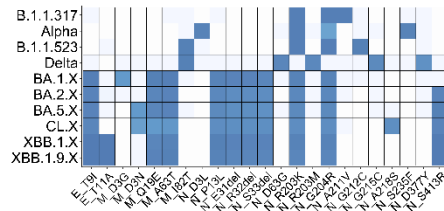
**Fig. S2.** Dynamics of SARS-CoV-2 genetic variants in Moscow from late August 2022 to mid-March 2023.

The ordinate axis represents the proportion of each genetic lineage, expressed as a percentage, while the abscissa axis delineates the observation periods (weeks).

A / A



Б / В



**Рис. S3.** Основные мутации в доминирующих вариантах SARS-CoV-2.

*a* – мутации в S-белке; *б* – мутации в структурных белках E, M и N; *в* – мутации в неструктурных белках. По оси абсцисс отмечены аминокислотные замены, по оси ординат – варианты SARS-CoV-2.

**Fig. S3.** Key mutations in predominant SARS-CoV-2 variants.

*a* – mutations in the spike (S) protein; *b* – mutations in structural proteins E (envelope), M (membrane), and N (nucleocapsid); *c* – mutations in non-structural proteins. The x-axis denotes amino acid substitutions, while the y-axis represents the SARS-CoV-2 variants.