

<https://doi.org/10.30895/2221-996X-2026-26-1-75-84-fig-s2>

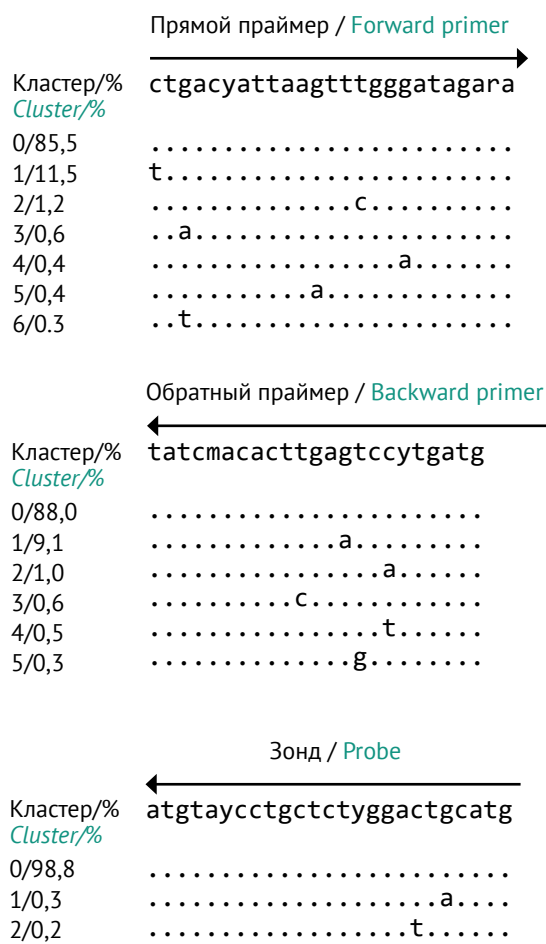


Рисунок подготовлен авторами / The figure was prepared by the authors

Рис. S2. Частота встречаемости штаммов вируса кори в базе данных NCBI с мутациями в области посадки праймеров и зонда, используемых в ПЦР. Кластеры расположены по уменьшению числа последовательностей в кластере, через слэш указан процент от общего числа проанализированных последовательностей. Стрелками указано направление последовательности праймеров и зонда от 5'-конца к 3'-концу.

Fig. S2. Prevalence of measles strains in the NCBI database with mutations in primer binding sites and probe used in PCR. Clusters are arranged in descending order of the number of sequences in a cluster; the percentage of total sequences analyzed is indicated with a slash. The arrows indicate the direction of the primer and probe sequences from 5'-end to 3'-end.