

## ***Филогенетический анализ сети геномов SARS-CoV-2***

<https://www.pnas.org/content/early/2020/04/07/2004999117>

Forster P<sup>1,2,3</sup>, Forster L<sup>4</sup>, Renfrew C<sup>5</sup>, Forster M<sup>3,6</sup>.

1. Institute of Forensic Genetics, 48161 Münster, Germany; pf223@cam.ac.uk acr10@cam.ac.uk.
2. McDonald Institute for Archaeological Research, University of Cambridge, Cambridge CB2 3ER, United Kingdom.
3. Fluxus Technology Limited, Colchester CO3 0NU, United Kingdom.
4. Lakeside Healthcare Group at Cedar House Surgery, St Neots PE19 1BQ, United Kingdom.
5. McDonald Institute for Archaeological Research, University of Cambridge, Cambridge CB2 3ER, United Kingdom; pf223@cam.ac.uk acr10@cam.ac.uk.
6. Institute of Clinical Molecular Biology, Christian-Albrecht-University of Kiel, 24105 Kiel, Germany.

Филогенетический сетевой анализ 160 полных геномов SARS-Cov-2 нашли три центральных варианта коронавируса, отличающихся аминокислотными изменениями, которые мы назвали А, В и С, причем А является предковым типом в соответствии с коронавирусом аутгруппы летучих мышей. Типы А и С часто встречаются за пределами Восточной Азии, то есть у европейцев и американцев. Тип В является наиболее распространенным типом в Восточной Азии, и его предковый геном, по-видимому, не распространился за пределы Восточной Азии без предварительной мутации в производные типы В, указывая на или иммунологическую или экологическую устойчивость против этого типа за пределами Азии. Отслеживание маршрутов инфекции для документированных случаев коронавирусной болезни 2019 (COVID-19), показывает, что филогенетические сети также могут быть успешно использованы для отслеживания недокументированных источников инфекции COVID-19, которые затем могут быть помещены на карантин для предотвращения повторного распространения болезни по всему миру.