

Los resultados de la prueba de ácidos nucleicos como uno de los adicionales Criterios de descarga en casos confirmados por laboratorio de COVID-19 (326).

La pandemia COVID-19 no tiene ninguna Factores novedosos, distintos a los genéticamente únicos. Patógeno y un posible reservorio posible. La causa y el posible resultado futuro son solo repeticiones de Nuestras interacciones anteriores con coronavirus fatales. La única diferencia es el momento de ocurrencia y el Declaridad genética del patógeno involucrado. Las mutaciones en el RBD de COVS facilitaban su Capacidad de infectar hosts más nuevos, por lo tanto Ampliando su alcance a todos los rincones del mundo. (85). Esta es una amenaza potencial para la salud de ambos Animales y humanos. Estudios avanzados que usan Reconstrucción filogeográfica bayesiana identificada. El origen más probable del SARS-COV-2 como el murciélago. Coronavirus similar a SARS, circulando en el Familia de rinolophus bate (86).

Análisis filogenético de 10 genoma entero. Las secuencias de SARS-COV-2 mostraron que son relacionado con dos covs de origen de murciélago, a saber, bat-sl-COVZC45 y \_ BAT-SL-COVZXC21, que fueron Informado durante 2018 en China (17). Fue reportado que Sars-CoV-2 había sido confirmado para usar ACE2 Como receptor de entrada mientras exhibe un RBD similar