

Usando el programa de software Megaalign, IETS EL Similitud entre los aislamientos de la novela SARS-COV-2 Estaba en el rango de 99.4% a 100%. Entre el otro Secuencias de COV serbecovirus, la novela SARS-COV-2 secuencias revelaron la mayor similitud para batear SL-COV, con rangos de identidad por ciento de nucleótidos Entre 88.12 y 89.65%. Mientras tanto, antes El SARS-COV informado mostró 70.6 a 74.9% Similitud con SARS-COV-2 en el nivel de nucleótidos. Además, la similitud del porcentaje de nucleótidos fue del 55.4%, 45.5% a 47.9%, 46.2% a 46.6%, y 45.0% a 46.3% a los otros cuatro subgéneros, a saber, Hibecovirus, nobecovirus, merbecovirus, y Embocovirus, respectivamente. El porcentaje de similitud El índice de los aislados de brote actuales indica un cierre. Relación entre los aislamientos de SARS-COV-2 y BAT-SL-COV, lo que indica un origen común. Sin embargo, piezas particulares de evidencia basadas en _ El análisis genómico completo de los aislamientos actuales son necesario para dibujar cualquier conclusión, aunque fue comprobó que la novela actual SARS-COV-2 Aislos pertenecen al Subgenus Sarbecovirus en el Diversa gama de betacoronavirus. Su posible Ancestro fue hipótesis para ser de BAT COV cepas, en las que los murciélagos podrían haber jugado un papel crucial Al albergar esta clase de virus.