

Iplle atco piyluscny amuly ses

En el árbol filogenético no rooted de diferente. Betacoronavirus basados ??en la proteína S, virus. secuencias de diferentes subgéneras agrupadas en clústeres separados. SARS-COV-2 secuencias de Wuhan y otros países exhibieron un cierre. Relación y apareció en un solo grupo (Fig. 1). Apareció los COV del Sarbecovirus Subgenus. conjuntamente en Splitstree y dividido en tres subclusters, a saber, SARS-COV-2, BAT-SARS: COV (BAT-SL-COV), y SARS-COV (Fig. 1). En el Caso de otros subgéneros, como Merbecovirus, todos los secuencias agrupadas en un solo grupo, mientras que en Embocovirus, diferentes especies, compuesto por canino. COVS respiratorios, coves bovinos, COV equinos, y cepa de cov humano (OC43), agrupada en un común grupo. Aislados en la subgenera nobecovorus y Se encontró que el hibecovirus se colocaron por separado. lejos de otros covs de SARS informados, pero compartieron una Bat de origen.

Escenario en todo el mundo de
SARS-CoV-2

Este novedoso virus, SARS-COV-2, viene bajo el Subgenus Sarbecovirus de la ortocoronavirinae Subfamilia y es enteramente diferente de los virus.