

El genoma de ARN del SARS-COV-2 identificó que el COV De Wuhan es un virus recombinante del bate. Coronavirus y otro coronavirus de desconocido. origen. Se encontró que la recombinación tenía sucedió dentro de la glicoproteína de Spike Viral, que Reconoce el receptor de la superficie celular. Análisis mas extenso del genoma basado en el uso de codón identificado el serpiente como el reservorio animal más probable de SARS-COV-2 (143). Contrariamente a estos hallazgos, Otro análisis del genoma propuso que el genoma. de SARS-COV-2 es 96% idéntico al bate Coronavirus, Reflejando su origen de los murciélagos (63). La participación de materiales derivados de murciélagos en la corriente El brote no puede ser descartado. Alto riesgo está involucrado En la producción de materiales derivados de murciélagos para TCM. Prácticas que involucran el manejo de murciélagos salvajes. los El uso de murciélagos para las prácticas de TCM seguirá siendo un grave Riesgo por la aparición de coronavirus zoonóticos. Epidemias en el futuro (139).

Además, los pangolins son un en peligro de extinción. Especies de animales que albergan una gran variedad de Virus, incluyendo coronavirus (144). los Coronavirus aislado de los pangolines malayos (Manis Javanica) mostró una identidad de aminoácidos muy alta. con COVID-19 en E (100%), M (98.2%), N (96.7%), y s genes (90.4%). La proteína RBD de S