

Basado en caracterización molecular, SARS-COV-2 se considera un nuevo betacoronavirus perteneciente al Subgenus Sarbecovirus (3). Unos pocos otros virus zoonóticos críticos (COV relacionado con Mers y COV relacionado con SARS) pertenecen al mismo género. Sin embargo, el SARS-COV-2 se identificó como un distinto virus basado en la identidad del porcentaje con otros Betacoronavirus; Conservado marco de lectura abierto 1LA / B (ORF 1A / B) está por debajo del 90% de identidad (3). Un en general Se observó una identidad de nucleótidos del 80% entre SARS-COV-2 y el SARS-COV original, a lo largo Con un 89% de identidad con ZC45 y ZXC21 SARS-COV relacionados de murciélagos (2, 31, 36). Además, 82%. Se ha observado identidad entre SARS-COV-2 y SARS-COV humano TOR2 y SARS-COV humano BJO1 2003 (31). Una identidad de secuencia de solo 51.8%. se observó entre COV relacionado con Mers. Recientemente emergió SARS-COV-2 (37). Filogenético El análisis de los genes estructurales también reveló que SARS-COV-2 está más cerca del COV relacionado con BAT SARS. Por lo tanto, el SARS-COV-2 podría haberse originado en murciélagos, mientras que otros anfitriones de amplificadores podrían haber jugado papel en la transmisión de enfermedades a los humanos (31). De nota, Los otros dos covs zoonóticos (COV relacionados con Mers y COV relacionado con SARS) también se originó en murciélagos (38, 39). Sin embargo, para SARS y Mers, Civet