

Residuos para la unión al receptor "(Fig. 3b). En comparación
Con las cepas de Guangdong, coronavirus de pangolín.
Informes de Guangxi son menos similares a SARS-COV-2,
con 85.5% de identidad de secuencia genoma ". El repetido
ocurrencia de infec-
En pangolines de diferentes eventos de contrabando.
sugiere que estos animales son posibles anfitriones de la
virus. Sin embargo, a diferencia de los murciélagos, que llevan coronavirus.
Saludosamente, los pangolines infectados mostraron signos clínicos.
y cambios histopatológicos, incluidos la intersticial.
Neumonía y infiltración celular inflamatoria en diversos.
órganos ". Estas anomalías sugieren que los pangolins son
Es poco probable que sea el reservorio de estos coronavirus, pero
más probable adquirió los virus después del derrame de la
Anfitriones naturales.

Un anfitrión intermedio generalmente juega un papel importante.
en el estallido de coronavirus emergentes derivados de murciélagos;
Por ejemplo, Palms Civets para SARS-COV y Dromedary
camellos por mers-cov. Las cepas de virus llevadas por estos.
Dos hosts intermedios fueron casi genéticamente identificados.
Cal a los virus correspondientes en humanos (más de
99% de identidad de secuencia del genoma) '. Despreciar un rbd que es
virtualmente idéntico a la de SARS-COV-2, el pangolin
Los coronavirus conocidos hasta la fecha no tienen más del 92%.
Identidad del genoma con SARS-COV-2 (ref). La disponibilidad
Los datos capaces son insuficientes para interpretar pangolins como el
HOSE INTERMEDIO DE SARS-COV-2. Hasta ahora no hay evidencia
ha demostrado que los pangolines estaban directamente involucrados en el
Emergencia de SARS-COV-2.