

SARAS-COV-2. cepas disponibles en el nacional  
Centro de Información de Biotecnología y Gesaid.  
Las bases de datos fueron sometidas a múltiples secuencias.  
Análisis de alineación y filogenéticos para estudiar.  
Variaciones en el genoma viral (260). Todo lo viral  
Las cepas revelaron una alta homología del 99.99% (99.91%.  
al 100%) en el nivel de nucleótidos y 99.99%  
(99.79% a 100%) en el nivel de aminoácidos. En general  
Se encontró que la variación era baja en las regiones de ORF, con  
13 sitios de variación reconocidos en LA, 1B, S, 3A, M, 8,  
y n regiones. Tasas de mutación del 30.53% (29/95) y  
29.47% (28/95) se observaron en NT 28144 (ORF8)  
y las posiciones NT 8782 (ORF 1A), respectivamente. Debido  
a tales mutaciones selectivas, algunas regiones específicas de  
SARS-COV-2 no debe ser considerado para diseñar  
Primers y sondas. La referencia del SARS-COV-2  
La secuencia podría allanar el camino para estudiar molecular.  
Biología y patapiología, junto con el desarrollo.  
Diagnóstico y prevención y control adecuados.  
Estrategias para contrarrestar SARS-COV-2 (260).  
Se pueden detectar ácidos nucleicos de SARS-COV-2.  
de muestras (64), como el lavado broncoalveolar  
Fluido, esputo, hisopos nasales, cepillo de broncoscopio de fibra  
Espécimes de biopsia, hisopos faríngeales, heces, sangre,  
y orina, con diferentes niveles de diagnóstico.  
Rendimiento (Tabla 2) (80, 245, 246). Las cargas virales