

Polimorfismo en la posición de nucleótidos 28,144, que
Resultados en la sustitución de aminoácidos de Ser para Lys en residuo
84 de la proteína ORF8. Esas variantes con esta muta-
Componga una subcasa única etiquetada como 'Clade S ***.
Actualmente, sin embargo, los datos de secuencia disponibles no son
suficiente para interpretar la transmisión global temprana
Tory of the Virus, y patrones de viaje, efectos fundadores y
Las medidas de salud pública también influyen fuertemente en la propagación.
de linajes particulares, independientemente de potencial biológico.
Diferencias entre diferentes variantes de virus.

Anfitrión de animales y derrames

Los murciélagos son importantes anfitriones naturales de Alphacoronavi-
Ruses y betacoronavirus. El pariente más cercano
a SARS-COV-2 conocido hasta la fecha es un coronavirus de murciélago
Detectado en Rhinolophus afinchinis de la provincia de Yunnan,
China, llamada 'Ratg13', cuyo genoma de cuerpo entero
La secuencia es 96.2% idéntica a la de SARS-COV-2
(Ref. ''). Este virus de murciélago comparte más del 90% de secuencia.
Identidad con SARS-COV-2 en todos los orfs en todo
El genoma, incluida la altamente variable S y ORF8.
(Ref. ''). El análisis filogenético confirma que SARS-COV-2
estrechamente clusters con RATG13 (Fig. 2). El alto genético
Similitud entre SARS-COV-2 y Soportes RATG13
la hipótesis de que el SARS-COV-2 probablemente se originó desde
Murciélagos *. Otro coronavirus relacionado ha sido reportado.

Más recientemente en un rinolophus malayanus bate muestreado
en Yunnan _ el sombrero del ombligo del ombligo ;Virne negó 'RMMYNN?'