

فى هذه الدراسة تم تحليل المناطق الجينومية للفيروسات التاجية فيما يتعلق باختلافات التسلسل UTRS' النيكليوتيدى ومكوناته و كذلك أنماط العلاقة التطورية الوراثة. (محفوظة بدرجة كبيرة داخل المادة الوراثة الفيروسية و الواضح بين 5'UTRs) أوضحت الدراسة ان تلك المناطق . كما اشارت لاحتواء تلك المناطق لمواقع متغيرة من التتابع النيكليوتيدى ، الفيروسات وثيقة الصلة nt61 to أظهرت الدراسة وجود ثلاثة سترات محفوظة ذات تتابع نيوكليوتيدى طويل فى تلك المنطقة كالتى: nt107، 6 61 () ، من بينهم السترة nt262 to nt277 و ايضا nt23- nt211 (ذات التتابع النيكليوتيدى nt107 إلى nt الطويل بها ما يقرب من نصف تسلسل 61 leader sequence) مما يؤك د وجود هذا التسلسل فى الجينوم nt93 إلى nt الفيروسى. كما اظهرت ايضا' 5 (معظم ان المحتوى النيكليوتيدى للمنطقة /) من الآدينين UTR' (ثيامين) مقارنة AT)، والذي ربما يكون اساسيا للنشاط الفيروسى و نسخه المتماثل. GC بالجوانين/سيتوسين (ل فيروسات التاجية المدروسة من حيث التتابع النيكليوتيدى 5'UTRs بينت الدراسة الاختلاف فى حجم مناطق الذى تراوح من الى BJ01 زوج قاعدة فيروس سارس 245 زوج قاعدة لفيروس 238 و هذا hCoV-19_Chile_.