فى هذه الدراسة تم تحليل المناطق الجينومية للفيروسات التاجية فيما يتعلق باختلافات التسلسل 'UTRs النيكليوتيدى ومكوناته و كذلك أنماط العلاقة التطورية الوراثية. (محفوظة بدرجة كبيرة داخل المادة الوراثية الفيروسية و الواضحه 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 وجو د ثلاثة سترات محفوظة ذات تتابع نيوكليوتيدى طويل فى تلك المنطقة كالاتى: 61 6 ،nt107 (، من بينهم السترة nt262 to nt277و 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 في الجينوم nt93 إلى nt الفيروسي. كما اظهرت ايضا' 5 (معظم ان المحتوى النيكليوتيدى للمنطقة /)من الآدنين 'UTR (ثيامين) مقارنة AT)، والذى ربما يكون اساسيا للنشاط الفيروسى و نسخه المتماثل. GCبالجوانين/سيتوسين (ل لفيروسات التاجية المدروسة من حيث التتابع النيكليوتيدى 5'UTRs بينت الدراسة الآختلاف فى حجم مناطق الذى تراوح من الى BJ01 زوج قاعدة لفيروس سارس 245 زوج قاعدة لفيروس 238 'و هذا hCoV-19_Chile .

lakhasly.com © تم تلخيص النص بواسطة موقع لخصلي