

النكليوتيدى ومكوناته و UTRs' فى هذه الدراسة تم تحليل المناطق الجينومية للفيروسات التاجية فيما يتعلق باختلافات التسلسل أوضحت (UTRs) كذلك أنماط العلاقة التطورية الوراثة. (محفوظة بدرجة كبيرة داخل المادة الوراثة الفيروسية و الواضحه بين 5 الدراسة ان تلك المناطق . كما اشارت لاحتواء تلك المناطق لمواقع متغيرة من التتابع النكليوتيدى ، الفيروسات وثيقة الصلة (، nt107، 6 61 :أظهرت الدراسة وجود ثلاثة سترات محفوظة ذات تتابع نيوكليوتيدى طويل فى تلك المنطقة كالآتى nt61 to الطويل بها ما يقرب من nt إلى nt107 ذات التتابع النكليوتيدى (nt23- nt211 و ايضا nt262 to nt277 من بينهم السترة الفيروسي. كما اظهرت ايضا' nt إلى nt93 مما يؤك د وجود هذا التسلسل في الجينوم (61) leader sequence نصف تسلسل والذي ربما يكون اساسيا للنشاط ، (AT ثيامين) مقارنة) UTR' 5 (معظم ان المحتوى النكليوتيدى للمنطقة /) من الآدينين UTRs'بالجوانين/سيتوسين (ل لفيروسات التاجية المدروسة من حيث التتابع النكليوتيدى GC5 . الفيروسي و نسخه المتماثل زوج قاعدة لفيروس سارس 245 زوج قاعدة لفيروس 238 ' و BJ01 بينت الدراسة الاختلاف فى حجم مناطق الذى تراوح من الى هذا hCoV-19_Chile .