النيكليوتيدى ومكوناته و UTRs’ فى هذه الدراسة تم تحليل المناطق الجينومية للفيروسات التاجية فيما يتعلق باختلافات التسلسل أوضحت (UTRs’كذلك أنماط العلاقة التطورية الوراثية. (محفوظة بدرجة كبيرة داخل المادة الوراثية الفيروسية و الواضحه بين 5 الدراسة ان تلك المناطق . كما اشارت لاحتواء تلك المناطق لمواقع متغيرة من التتابع النيكليوتيدى ، الفيروسات وثيقة الصلة ،) 61 6 ،nt107 :أظهرت الدراسة وجو د ثلاثة سترات محفوظة ذات تتابع نيوكليوتيدى طويل فى تلك المنطقة كالاتى nt61 to الطويل بها ما يقرب من nt إلى nt107 ذات التتابع النيكليوتيدى (nt23 –nt211 و ايضاnt262 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 والذى ربما يكون اساسيا للنشاط ،(AT ثيامين) مقارنة) UTR’ 5 (معظم ان المحتوى النيكليوتيدى للمنطقة /)من الآدنين UTRs’بالجوانين/سيتوسين (ل لفيروسات التاجية المدروسة من حيث التتابع النيكليوتيدى GC5 .الفيروسى و نسخه المتماثل زوج قاعدة لفيروس سارس 245 زوج قاعدة لفيروس 238 ’و BJ01 بينت الدراسة الآختلاف فى حجم مناطق الذى تراوح من الى هذا hCoV-19_Chile .

Summarized by © lakhasly.com