

y otros SARSR-COVs (Fig. 2). Usando secuencias de cinco Dominios replicativos conservados en PPLAB (proteasa similar a 3C (3CLPRO), ARN polimerasa rna dependiente del ARN de nidovirus (RDRP): nucleotidiltransferasa asociada (NIRAN), RDRP, dominio de unión a zinc (ZBD) y HELI), el Grupo de estudio de Coronaviridae de la Internacional. Comité de Taxonomía de los Virus estimó el Distancias patrísticas por pares entre SARS-COV-2 y Los coronavirus conocidos, y asignados SARS-COV-2 a La especie existente SARSR-COV ". Aunque filoge- relacionado en materia, SARS-COV-2 es distinto de todos los demás Coronavirus de murciélagos y pangolines en esta especie. La proteína SARS-COV-2 S tiene un tamaño completo de 1,273 aminoácidos, más largo que el de SARS-COV (1,255 aminoácidos) y murciélagos conocidos Sarsr-COVs (1,245-1,269 aminoácidos). Es distinto del pro- Teins de la mayoría de los miembros en el Subgenus Sarbecovirus, Compartiendo similitudes de secuencia de aminoácidos de 76.7- 77.0% con SARS-COVs de CIVETS y HUMANS,