

tallos (45). Recientemente, análisis estructurales de la S.  
Las proteínas de COVID-19 han revelado 27 aminoácidos.  
Sustituciones dentro de un estiramiento de 1,273-aminoácido (16).  
Seis sustituciones se encuentran en el RBD (Amino  
ácidos 357 a 528), mientras que cuatro sustituciones están en el  
RBM en el CTD del dominio S1 (16). De nota, no  
El cambio de aminoácidos se ve en el RBM, que se une  
directamente a la enzima-2 conversina de angiotensina  
(ACE2) Receptor en SARS-COV (16, 46). En el presente,  
El principal énfasis es saber cuántas diferencias.  
Se requeriría que cambie el tropismo huésped.  
Comparación de secuencias reveló 17 no hídigos  
Cambios entre la secuencia temprana de SARS-COV-2  
y los aislados posteriores de SARS-COV. Los cambios  
fueron encontrados dispersos sobre el genoma del virus,  
con nueve sustituciones en Orflab, ORF8 (4  
sustituciones), el gen de Spike (3 sustituciones), y  
ORF7A (Sustitución única) (4). Notablemente, lo mismo  
Cambios no hídigos fueron encontrados en un familiar.  
cluster, lo que indica que sucedió la evolución viral  
durante la transmisión de persona a persona (4, 47). Tal  
Los eventos de evolución adaptativa son frecuentes y constituyen.  
un proceso constantemente en curso una vez que el virus se propaga  
Entre los nuevos hosts (47). Aunque no sea funcional  
Los cambios se producen en el virus asociado con esto.  
Evolución adaptativa, monitoreo cercano de la viral.