

un sitio de escisión polibásico (Rrar), que permite a los efectos
tiva de escisión por Furin y otras proteasas ". Tal
El sitio de escisión S1-S2 no se observa en todos los virus relacionados
perteneciente al Subgenus Sarbecovirus, a excepción de un
Similar Tres Inserción de Aminoácidos (PAA) en RMYN02,
un coronavirus derivado de murciélagos recientemente reportado desde
Rinolophus malayanus en China "(Fig. 3a). Aunque el
La inserción en RMYN002 no representa funcionalmente una
Sitio de escisión polibásico, proporciona soporte para la noción.
que esta característica, inicialmente considerada única para
SARS-COV-2, se ha adquirido naturalmente '*. Un estructural
El estudio sugirió que el sitio de escisión Furin puede reducir
La estabilidad de la proteína SARS-COV-2 S y facilita el
Adaptación conformacional que se requiere para la unión.
de la RBD a su receptor ". Si la trans-
MISibilidad de SARS-COV-2 en comparación con SARS-COV
es una ganancia de función asociada con la adquisición de la
El sitio de escisión similar a Furin, aún no se ha demostrado "®.

Una distinción adicional es el gen accesorio ORF8.
de SARS-COV-2, que codifica una novela de proteína que muestra
Solo 40% de identidad de aminoácidos a ORF8 de SARS-COV.
A diferencia de SARS-COV, esta nueva proteína ORF8 hace
no contiene un motivo que desencadena el estrés intracelular
Caminos ". Notablemente, una variante de SARS-COV-2 con un
La eliminación de la eliminación de 382 nucleótidos que cubre todo ORF8 tiene
sido descubierto en varios pacientes en Singapur,
que se asemeja a las deleciones de 29 o 415 nucleótidos en
La región ORF8 observada en variantes de COV SARS-COV humanas.
Desde la fase tardía del brote 2002-2003 ". Tal
La eliminación de ORFS puede ser indicativa de la adaptación humana.

Después de la transmisión de especies cruzadas de un anfitrión de animales.

metro. ... PY AE? Ae de edad. YP AANE