

Longitud a las proteínas correspondientes en SARS-COV.
De los cuatro genes estructurales, comparte SARS-COV-2 más
que el 90% de la identidad de aminoácidos con SARS-COV, excepto
para el gen S, que diverge ' ' '. El gen de la replicasa
cubre dos tercios del genoma 5 ', y codifica un gran
poliproteína (pp1ab), que se escindió proteolíticamente
16 proteínas no estructurales que están involucradas en transcripciones
Replicación de virus y virus. La mayoría de estos SARS-COV-2
Las proteínas no estructurales tienen más de 85% amino.
Identidad de secuencia ácida con SARS-COV ".

El análisis filogenético para todo el genoma.
muestra que el SARS-COV-2 se agrupa con SARS-COV
y coronavirus relacionados con el SARS (SARSr-COVs) encontrados
en murciélagos, colocándolo en el Subgenus Sarbecovirus de la
Género Betacoronavirus. Dentro de este clado, SARS-COV-2
se agrupa en un linaje distinto junto con cuatro caballos
Shoe Bat Coronavirus Aissates (Ratg13, RMYN02, ZC45
y zxc21), así como los novatos de coronavirus recientemente iden-
Tificado en pangolins, que grupo paralelo a SARS-COV