

## **Mini revisión: posibles hospederos intermediarios del SARS-CoV-2 en tiempos pos-pandémicos**

**Mini-review: possible intermediate hosts of SARS-CoV-2 in post-pandemic times**

**Mini-revisão: possíveis hospedeiros intermediários do SARS-CoV-2 em tempos pós-pandêmicos**

Osorio Alfonso Ana Sofia<sup>1</sup>, Rubiano Aparicio María Alejandra<sup>1</sup>, Jaramillo-Hernández Dumar Alexander<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Estudiante del programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Grupo de investigación en Farmacología experimental y Medicina interna - Élite, Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad de los Llanos, Villavicencio, Meta. Colombia.

<sup>2</sup> MVZ. Esp. MSc. PhD. Escuela de Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales, Universidad de los Llanos, Villavicencio, Meta. Colombia.

Autor de correspondencia: [dumar.jaramillo@unillanos.edu.co](mailto:dumar.jaramillo@unillanos.edu.co)

Recibido 10 de Julio 2023, aceptado 29 de Julio 2023

### **RESUMEN**

El SARS-CoV-2, responsable de la enfermedad COVID-19, emergió en diciembre de 2019 en Wuhan, China, y se convirtió rápidamente en una pandemia mundial. Los esfuerzos se han centrado en comprender los mecanismos de transmisión, los reservorios naturales, los síntomas y las medidas de prevención de esta enfermedad. Varios estudios demuestran la susceptibilidad de especies animales de infectarse con SARS-CoV-2 post-convivencia con persona positiva a COVID-19 (antropozoonosis); la especie doméstica con más alta susceptibilidad son los gatos, ya que desarrollan y eliminan el virus muy rápido, sin embargo, en los últimos años varios estudios han establecido que el síndrome respiratorio agudo severo por coronavirus-2 (SARS-CoV-2) infecta a una amplia gama de animales, englobando visones de granja,

rumiantes, hurones, y otros animales de compañía como perros, los animales de zoológico documentados que también son susceptibles a la infección son los tigres, leones, pumas, leopardos de las nieves, gorilas, nutrias, e hipopótamo. Por mecanismos naturales de mutación del virus a mediados del 2020 surgieron diferentes variantes, entre ellas el Ómicron, que es una de las variantes que ha generado preocupación por la alta capacidad de contagio en animales y la habilidad para evadir la protección inmunológica proporcionada por las vacunas.

**Palabras claves:** Animales domésticos, enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19), síndrome respiratorio agudo severo por coronavirus 2 (SARS-CoV-2), transmisión Interspecies, variantes antigénicas.

### ABSTRACT

SARS-CoV-2, responsible for the disease COVID-19, emerged in December 2019 in Wuhan, China, and quickly became a global pandemic. Efforts have focused on understanding the transmission mechanisms, natural reservoirs, symptoms, and prevention measures for this disease. Several studies demonstrate the susceptibility of animal species to become infected with SARS-CoV-2 after living with a person positive for COVID-19 (anthrozoosis); the domestic species with the highest susceptibility are cats, since they develop and eliminate the virus very quickly, however, in recent years several studies have established that severe acute respiratory syndrome coronavirus-2 (SARS-CoV-2) infects to a wide range of animals, including farmed mink, ruminants, ferrets, and other companion animals such as dogs, documented zoo animals that are also susceptible to infection are tigers, lions, pumas, snow leopards, gorillas, otters, and hippopotamus. Due to natural mutation mechanisms of the virus, in mid-2020 different variants emerged, among them the Omicron, which is one of the variants that has generated concern due to the high contagion capacity in animals and the ability to evade the immunological protection provided by vaccines.

**Keywords:** Domestic animals, coronavirus disease 2019 (COVID-19), severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), interspecies transmission, antigenic variants.

## RESUMO

O SARS-CoV-2, responsável pela doença COVID-19, surgiu em dezembro de 2019 em Wuhan, na China, e rapidamente se tornou uma pandemia global. Os esforços têm se concentrado na compreensão dos mecanismos de transmissão, reservatórios naturais, sintomas e medidas de prevenção dessa doença. Vários estudos demonstram a suscetibilidade de espécies animais de se infectarem com SARS-CoV-2 após conviverem com uma pessoa positiva para COVID-19 (antropozoonose); as espécies domésticas com maior suscetibilidade são os gatos, pois desenvolvem e eliminam o vírus muito rapidamente, no entanto, nos últimos anos, vários estudos estabeleceram que a síndrome respiratória aguda grave coronavírus-2 (SARS-CoV-2) infecta uma ampla gama de animais, incluindo visons de criação, ruminantes, furões e outros animais de companhia, como cães, animais de zoológico documentados que também são suscetíveis à infecção são tigres, leões, pumas, leopardos da neve, gorilas, lontras e hipopótamos. Devido aos mecanismos naturais de mutação do vírus, em meados de 2020 surgiram diferentes variantes, entre elas o Omicron, que é uma das variantes que tem gerado preocupação devido à alta capacidade de contágio em animais e à capacidade de evadir a proteção imunológica fornecida por vacinas.

**Palavras-chave:** Animais domésticos, doença do coronavírus 2019 (COVID-19), síndrome respiratória aguda grave do coronavírus 2 (SARS-CoV-2), transmissão interespecies, variantes antigênicas.

## INTRODUCCIÓN

El pasado diciembre de 2019 surgió por primera vez en Wuhan-China, casos con historial de síntomas respiratorios, como tos y dificultad para respirar, identificándose como causa el síndrome respiratorio agudo severo por Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) (Hernández et al., 2020), agente etiológico causante de la enfermedad por coronavirus 19 (COVID-19) (Fusco et al., 2022). En semanas esta enfermedad, cruzó fronteras internacionales afectando un número alarmante de personas y en efecto la nueva enfermedad se declaró pandemia mundial por la organización mundial de la

salud, desde entonces se busca definir, mecanismos de transmisión, reservorios naturales, signología y prevención (OMS, 2020).

El virus SARS-CoV-2 causante de COVID-19, fue aislado por primera vez de un humano en abril de 2020 (OMS, 2020). Su genoma se conforma de ARN monocatenario no segmentado protegido por un complejo de proteínas llamada cápside, ésta junto al genoma interno reciben el nombre de nucleocápside (Pérez et al., 2020), el virión que es la partícula vírica insustituible para la transmisión viral posee una envoltura conformada por 3 estructuras proteicas; la proteína de membrana (cápside) y la proteína de envoltura que entre ella se disponen las proteínas de espigas virales que otorgan al virus su función de tropismo y especificidad hacia la angiotensina 2 (ACE2) para ingresar a la célula huésped (Yan et al., 2020; Chen et al., 2020). El COVID-19 pertenece a los coronavirus, estos se catalogan en la familia Coronaviridae y se clasifican en 4 géneros: *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* y *Deltacoronavirus* (Cortés et al., 2020). El COVID-19 es un *Betacoronavirus* (Chen et al., 2020), que infectan mamíferos y tiene afinidad por las células del sistema respiratorio y provocan problemas digestivos, hepáticos y neurológicos en humanos y en un amplio rango de especies animales (Burrell et al., 2017; Cortés et al., 2020).

Según la Organización mundial de sanidad animal (WOAH), el 60% de las enfermedades infecciosas que afectan al hombre son zoonóticas y el 75% de los agentes patógenos de las enfermedades infecciosas del ser humano son de origen animal (Villanueva et al., 2021). Desde inicio de pandemia se documentaron casos de animales con signos respiratorios después de tener contacto con personas COVID-19 positivas (Oreshkova et al., 2020), así que, la enfermedad respiratoria por SARS-CoV-2 afecta a humanos y especies animales de manera global incluidos animales del hogar, animales de granja, grandes felinos, venado cola blanca, animales en cautiverio como gorilas y nutrias (Vandegrift et al., 2022). Se estima que el huésped original del SARS-CoV-2 son los murciélagos (Zhou et al., 2020) pero se desconocen el conjunto de hospederos intermediarios que colaboran en la transmisión del virus entre especies; en la convivencia de animales con humanos puede existir una elevada posibilidad para que se dé el transporte pasivo del virus entre estas dos especies (Stevanovic et al., 2020).

Los caninos y felinos suelen tener una convivencia cercana con sus dueños (Meehan et al., 2017). Según un estudio realizado en Villavicencio-Colombia la interacción humano COVID-19 positivo y animal sano aumenta el riesgo de infección por coronavirus tipo 2 en animales domésticos (perros y gatos) siendo más susceptibles los felinos (Jaramillo et al., 2022); por esto, es importante vigilar si perros y gatos desempeñan un papel en la transmisión del virus y tomar precauciones necesarias para disminuir su diseminación; varios son los estudios experimentales que demuestran una mayor susceptibilidad de felinos a infectarse con SARS-CoV-2 en comparación con caninos (Rendon et al., 2021; Liew et al., 2022), debido al rápido desarrollo de la enfermedad y eliminación del virus (Halfmann et al., 2020). Durante la pandemia no hubo indicios de que el virus SARS-CoV-2 haya sido transmitido de gatos a humanos (Martina et al., 2020) hay evidencia que sugiere una elevada posibilidad de que las mascotas sean un medio de transporte pasivo del virus (Stevanovic et al., 2020).

El primer estudio de seroprevalencia en animales domésticos se realizó en Wuhan, China, donde se evaluaron 102 gatos, el 14,5% presentaba anticuerpos contra el SARS-CoV-2 (Zhang et al., 2020). En Italia se realizó un estudio donde se detectaron anticuerpos neutralizantes de SARS-CoV-2 en 3,3% de perros (Patterson et al., 2020). En Francia, una investigación reporta un 15,4% de perros y un 23,5% de gatos positivos para anticuerpos neutralizantes y en Estados Unidos, de 47 mascotas con resultado serológico, 4 perros y 4 gatos tenían anticuerpos neutralizantes detectables contra el SARS-CoV-2 ( Fritz et al., 2021; Goryoka et al., 2021).

A través del tiempo el virus del SARS-CoV-2 ha cambiado su estructura y genoma, la justificaciones de estas mutaciones se basa en 3 eventos; evolución prolongada del virus por una infección crónica, evolución silenciosa por múltiples contagios en una población y evolución del virus por infección en animales dando origen a variantes capaces de huir de los mecanismos naturales de protección inmunitaria, por vacunación o por infecciones previas (Kupferschmidt., 2021; Harvey et al., 2021). La OMS ha asignado nomenclaturas a las variantes de cuidado (VOC) y a las variantes de interés (VOI) que se han identificado como Variante Alfa, Beta, Gamma, Delta, Eta, Iota, Lambda y Mu con origen en Reino Unido, Sudáfrica, Brasil, India, Estados Unidos, Perú y Colombia respectivamente (Bedoya et al., 2021), la variante Ómicron

(B.1.1.529) fue identificada en Sudáfrica y Botswana, se diseminó con rapidez en 34 países (He et al., 2021). La variante Ómicron fue declarada por la OMS como variante de gran preocupación pública por sus mutaciones de contagio y la protección inmune nula por vacunación debido a las características de su estructura viral (Shao et al., 2022; Espinoza., et al 2021). El Ómicron tiene tres cepas: BA.1, tiene más prevalencia de cepa a nivel mundial, la cepa BA.2, ha estado cerca a superar y reemplazar a la cepa BA.1, y la cepa BA.3, no registra tantos casos (Fan et al., 2022). La infección por Ómicron genera una replicación rápida en las vías respiratorias superiores, en pulmones e intestino tiene una replicación baja (Fan et al., 2022), el Ómicron exhibe un tropismo celular alterado lo que se traduce en una baja replicación del virus en el parénquima pulmonar (vías respiratorias inferiores), se estima entonces que aunque sea altamente infecciosa tiene una patogenicidad reducida (Meng et al., 2022; Hui et al., 2022; Shuai et al., 2022). Según evidencias científicas y reportes SARS-CoV-2 en animales, el objetivo de esta revisión es aportar información sobre posibles hospederos intermediarios del COVID-19 en tiempos pos-pandémicos.

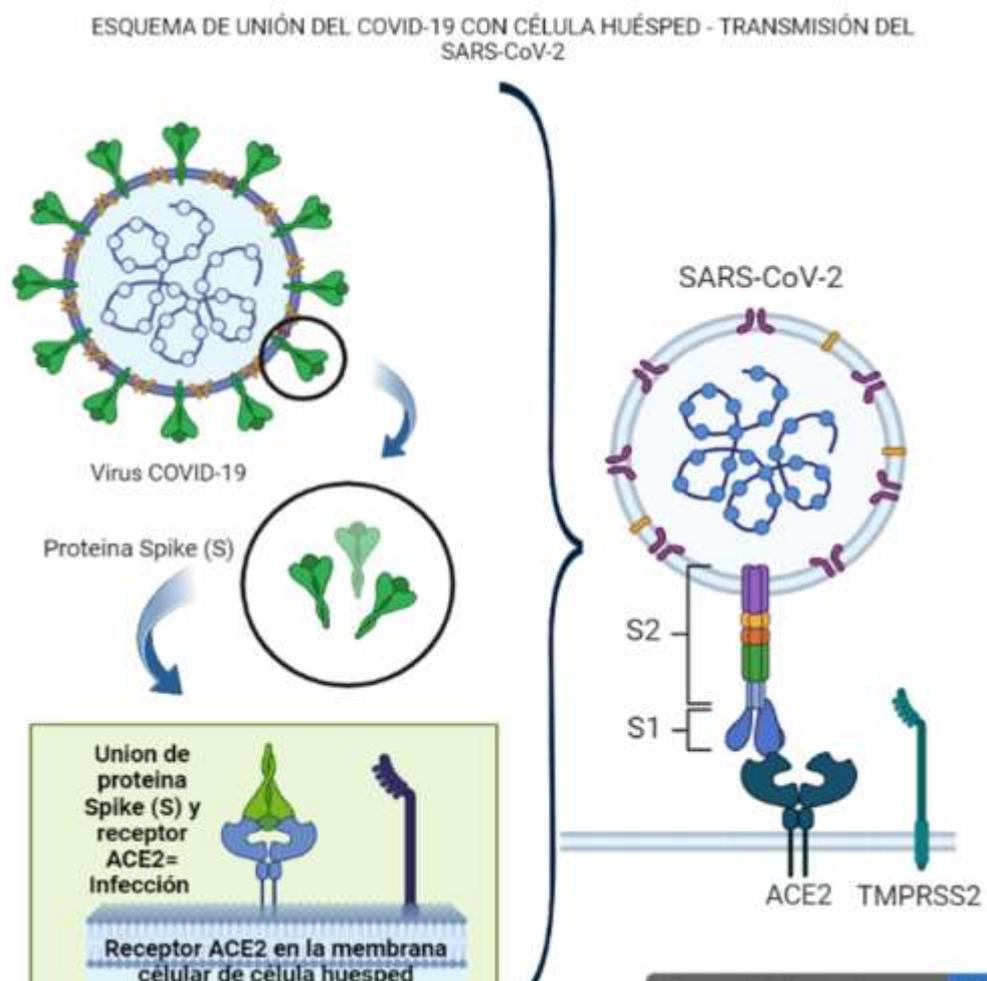
### **Características epidemiológicas y clínicas de la infección natural por SARS-CoV-2 en animales**

El 94 % de mascotas (caninos y felinos) tienen historial clínico con exposición previa a una persona con COVID-19, esto argumenta fuertemente que la mayoría de las veces, los cuidadores representan el foco de infección para sus mascotas (Liew et al., 2022). Según un estudio de vigilancia realizado en Estados Unidos, el periodo de incubación del virus es de 10 días en gatos y 6 días en perros, esta etapa se define por la fecha de inicio de los síntomas del cuidador (fecha de exposición) y el inicio de los signos clínicos en la mascota (Liew et al., 2022). La duración de la infección activa (tiempo en que se perciben signos clínicos) es de 10 días en gatos y 17 en perros (Bao et al., 2021). Entre la signología observada en mascotas positivas se observan signos respiratorios en un 84 %, signos no específicos (letargo, fiebre, inapetencia) en un 55 % y gastrointestinales 16 % (Gerhards et al., 2022), en felinos los estornudos son comunes y por lo contrario en caninos es frecuente el curso de la enfermedad con tos (Michelitsch et al., 2023).

El SARS-CoV-2 responsable de la enfermedad en extremo contagiosa por COVID-19 es un agente antropozoonotico (zoonosis inversa) (Jo et al., 2021) que puede generar

infección en animales de granja, domésticos y salvajes previa a la exposición con un humano SARS-CoV-2 positivo (WOAH, 2022), el receptor diana de enzima convertidora de angiotensina humana 2 (ACE2) está presente en las células de la mayoría de vertebrados, para el desarrollo de la enfermedad la glicoproteína Spike (S) del SARS-CoV-2 debe unirse a los receptores ACE2 del huésped y formar el complejo de proteína S: ACE2 (Conceicao et al., 2020). La proteína S del virus presenta una alta afinidad de unión físico-química por el receptor ACE2, este receptor posee análogos en diversas especies animales como caninos, felinos, hurones, visones, hamsters, venados cola blanca, grandes felinos y rumiantes; por esta amplia ubicuidad, es posible la entrada del virus a sus organismos (Cardoso et al., 2023; Fusco et al., 2023). Además, estudios experimentales in vitro discuten que las células del tracto respiratorio en rumiantes expresan ACE2 lo que permite sostener la replicación viral, así entonces se contempla que los animales son capaces de albergar y extender el virus (Gaudreault et al., 2021; Teodoro et al., 2021).

Se ha estudiado la caracterización del tropismo de la proteína S con la ACE2, el rango de huéspedes del SARS-CoV-2 y sus perfiles como reservorios naturales (Rendon et al., 2021), sobre todo en especies de interés como caninos y felinos por su estrecha relación con el humano, la susceptibilidad de la infección depende de la capacidad de acoplamiento molecular entre el dominio RBD de la proteína S del SARS-CoV-2 con el receptor ACE2 del huésped (Figura 1) (Chen et al., 2020). La estructura primaria de ACE2 de los humanos estructuralmente es en un 85,8% semejante en gatos permitiendo una unión eficiente con el RBD de la proteína S, en perros la similitud entre la enzima ACE2 disminuye a un 84% (Rendon et al., 2021). Tanto en perros y gatos el gen ACE2 se expresa en el riñón, el corazón, el hígado y la retina, en los gatos, adicionalmente se expresa en la piel, la punta de las orejas y pulmones (Sun et al., 2020), los gatos son más susceptibles al SARS-CoV-2 en función a la unión entre el virus y ACE2 por una mayor similitud en la secuencia aminoácidos de este receptor en la célula huésped que únicamente se diferencian en tres aminoácidos con la ACE2 humana, en caninos hay una diferencia de 6 aminoácidos, esta interacción proteína:proteína demuestra que algunas especies animales son más susceptibles que otras a la infección (Cabrera et al., 2022).



**Figura 1.** Esquema representativo del mecanismo de infección por SARS-CoV-2 mediante la unión de la proteína S (Spike) del virus y la proteína ACE2 que actúa como receptor en la célula huésped. Fuente: Autores.

Para conocer más de la patogenicidad del SARS-CoV-2 se ha reproducido de manera experimental la infección del virus en varios modelos animales (Muñoz et al., 2022), incluidos modelos de hurones, tigres, rumiantes, pangolines con proteína ACE2 ortóloga a la humana (Sun et al., 2020; Damas et al., 2020; Fusco et al., 2022). En pangolines se identificó la expresión de ACE2 en tejidos como el pulmón, el hígado y el bazo (Liang et al., 2023). También se ha demostrado la interacción de la proteína S con la ACE2 gracias a su afinidad por el SARS-CoV-2 en pequeños rumiantes, evento que predispone la entrada del virus en las células (Damas et al., 2020). El ACE2 humano difiere en sólo 14.2, 13.8, 16, 15 y 17.2 % con los ortólogos de gato, tigre, perro, hámster y hurón respectivamente, estos datos exponen que son varios los animales capaces de infectarse, hospedar y posiblemente difundir el SARS-CoV-2 Inter especies (Rendon et al., 2021).

## **Reservorios animales de SARS-CoV-2**

Los animales domésticos y salvajes son susceptibles a la infección y son reservorios potenciales de variantes del virus (Figura 2) (Cardoso et al., 2023). A la fecha las especies con mayor predisposición según parámetros de contacto por medio de una persona infectada son aquellas especies animales que viven en cautiverio, animales de granja y domésticos (Jo et al., 2021). Si bien es de interés el estudio del papel que tienen los perros y gatos en la transmisión del SARS-CoV-2 (Shi et al., 2020), el coronavirus animal también causa una amplia gama de enfermedades que tienen un importante impacto en la epidemiología, economía y producción de varios animales (Hasoksuz et al., 2008).

Entre los animales domésticos los felinos son más susceptibles a la infección (Tabla 1), hay evidencia de peso que lo demuestra; el anticuerpo neutralizante específico del virus se produce rápidamente y es sostenido durante 17 días, por esto la naturaleza leve de la infección en felinos, además la acelerada producción de títulos intervienen a favor para una detección temprana de la infección, esta es posible de 3 a 5 días después de la presunta exposición (Liew. et al., 2022). Un estudio en Tailandia incita a pensar en la transmisión de gato infectado a humano sano, los datos epidemiológicos indican que después de que un felino en convivencia con personas positivas para COVID-19, estornudara sobre su veterinario, unos días después esta persona dio positivo a COVID-19 (Sila et al., 2022). Además, los gatos son un reservorio más susceptible a la infección debido a la naturaleza estructural de la proteína ACE2, que es más similar a la proteína ACE2 humana y que actúa como receptor afín del coronavirus (Cabrera, et al., 2022). La predisposición a la infección también está relacionada a los fenotipos sanguíneos (A, B, AB), los anticuerpos anti-A o anti-B naturales en los individuos del grupo sanguíneo B o A respectivamente se unen a la proteína S del coronavirus y bloquean su interacción con ACE2, lo que previene la infección al bloquear la unión y la entrada del virus (Guillon et al., 2008; Breiman et al., 2020); mientras que los gatos con sangre de fenotipo AB carecen de estos aloanticuerpos representando un mayor riesgo de seropositividad para el SARS-CoV-2. (Spada et al .,2020; Bruno et al., 2022).

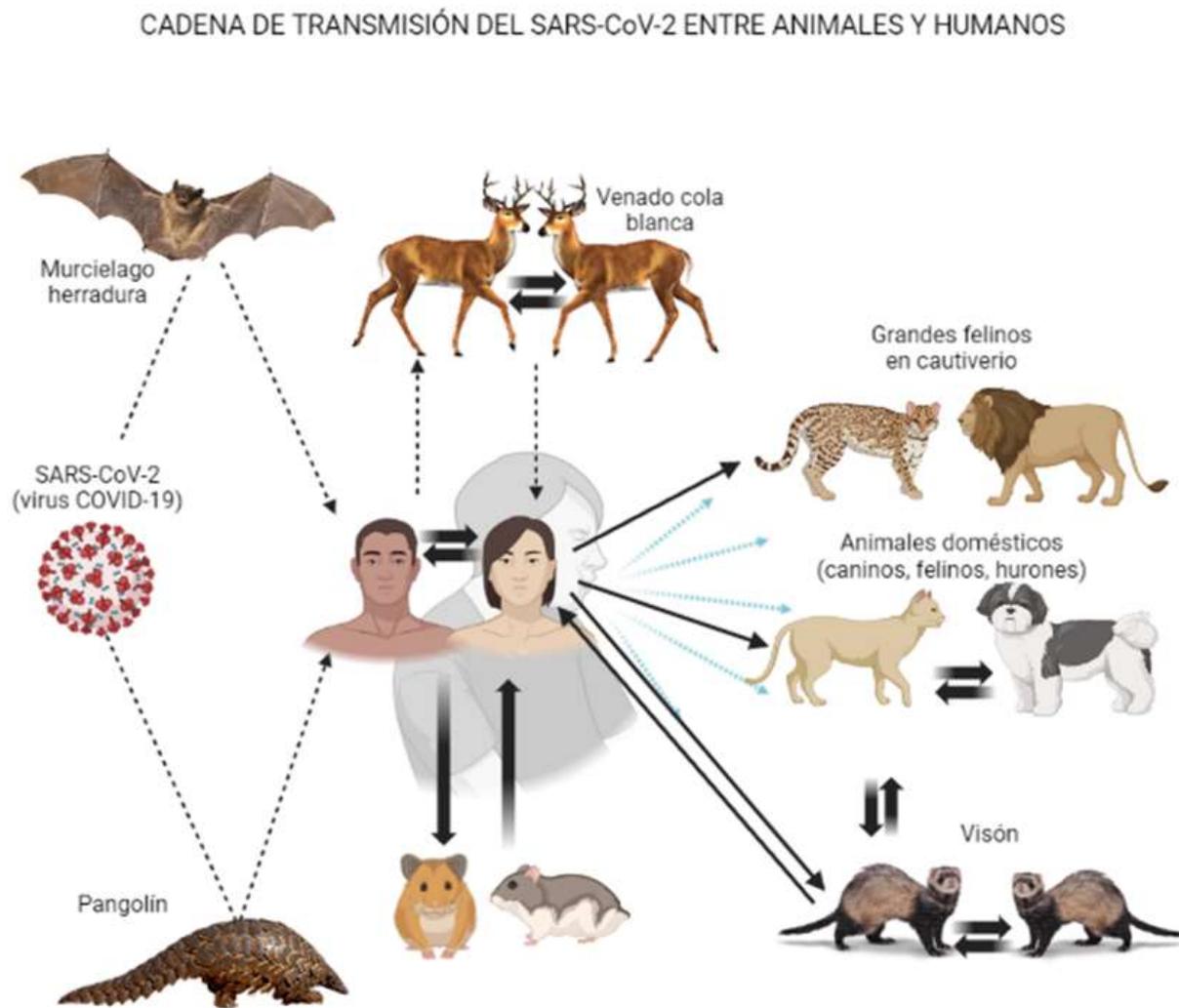
Recientemente se ha descubierto que la infección por SARS-CoV-2 afecta a varias especies animales (Figura 2, Tabla 1) (Oreshkova, et al., 2020). En una revisión

sistemática argumenta la infección natural con SARS-CoV-2 de más de 200 perros y felinos domesticados a través de la zoonosis inversa, suceso común que acontece en hogares con cuidadores de mascotas positivos para COVID-19 (Chacón G. et al., 2022). En condiciones experimentales el contagio en hurones y hamsters sirios dorados exhiben replicación viral en el tracto respiratorio y un desarrollo de la enfermedad de leve a moderada (Figura 2) (Shi J, et al., 2020; Sia et al., 2020). Además de las infecciones experimentales, un estudio realizado en Nueva York reportó contagios ocasionales de humano a Venado cola blanca (*Odocoileo virginianus*) en libertad con resultado positivo para el SARS-CoV -2 por la presencia de anticuerpos séricos para la variante Ómicron (Hale et al., 2022). Debido a una propagación del virus en Hong Kong, se identificaron hamsters importados como la fuente más probable de infección (Yen et al., 2022). Actualmente otras especies de interés son los rumiantes debido a la cercanía cotidiana con trabajadores del campo, veterinarios y animales silvestres probablemente reservorios (Gaudreault et al. 2021; Fusco et al., 2022), al igual que para otras especies anteriormente nombradas, el ACE2 de rumiantes (vacas y ovejas) muestra afinidad con el dominio RBD del SARS-CoV-2 y es posible insinuar que son muchas las especies animales que pueden albergar y propagar el virus (Tabla 1) (Zhai et al., 2020; Di-Teodoro et al., 2021).

**Tabla 1.** Resumen de Animales susceptibles a infección por SARS-CoV-2, por contagio experimental y natural, información recopilada de WOA [https://www.woah.org/fileadmin/Home/MM/ES\\_Factsheet\\_SARS-CoV-2.pdf](https://www.woah.org/fileadmin/Home/MM/ES_Factsheet_SARS-CoV-2.pdf)

ESPECIES	TIPO DE INFECCIÓN [EXPERIMENTAL (LABORATORIO)/NATURAL (CAMPO)]	SUSCEPTIBILIDAD DE LA INFECCIÓN [NINGUNA/EXTREMADAMENTE BAJA/BAJA/MEDIA/ALTA]	SIGNOS CLÍNICOS	TRANSMISIÓN
<b>ANIMALES DE GRANJA</b>				
Visón americano ( <i>Neovison vison</i> )	Natural y experimental	Alta	Sí (en algunos casos)	de visones al hombre
Hurones	Natural y experimental	Alta	Sí (en algunos casos)	Sí, entre hurones
Bovinos ( <i>Bos taurus</i> )	Experimental	Extremadamente baja	No	No
<b>ANIMALES DE COMPAÑÍA</b>				
Gatos (domésticos)	Natural y experimental	Alta	Sí (pero no se han observado en todos los casos)	Sí, entre gatos
Hámsteres dorados	Experimental	Alta	Sí (de ninguno a muy leves en algunos casos, dependiendo de la edad)	Sí, entre hámsteres
Perros	Natural y experimental	Baja	Sí (pero no se han observado en todos los casos)	No
<b>ANIMALES SILVESTRES</b>				
Grandes felinos (tigres, leones, leopardos de las nieves y pumas)	Natural	Alta	Sí, en la mayoría de los casos	Sí, entre animales
Ciervos de cola blanca ( <i>Odocoileus virginianus</i> )	Experimental	Alta		Sí, a otros ciervos de cola blanca

En cuanto al origen y la fuente zoonótica del SARS-CoV-2 aún surgen incógnitas, entre los coronavirus que se encuentran estrechamente relacionados con el SARS-CoV-2 por la similitud en un 96% respecto a la secuencia de nucleótidos se incluye el betacoronavirus RaTG13 derivado de murciélago y dos linajes de coronavirus (PCoV-GD y PCoV-GX) identificados en pangolín (Figura 2) (Temmam et al., 2022; Nie et al., 2021). En un estudio experimental capturaron pangolines malayos (*Manis javanica*) infectados naturalmente por PCoV-GD, un coronavirus estrechamente relacionado con el SARS-CoV-2 identificado en pangolines (Liang et al., 2023; Nie et al., 2021). Los SARS-CoV-2 de pangolín en comparación con SARS-CoV-2 derivados de murciélagos tienen una similitud de secuencia más baja con el SARS-CoV-2 que infecta humanos (Wacharapluesadee et al., 2021). Sin embargo, los pangolines malayos positivos cursan con signos respiratorios como tos, dificultad para respirar y en tomografías computarizadas exhiben un patrón pulmonar bilateral similar a la neumonía por COVID-19 en fase temprana y en fase avanzada (Shi et al., 2020; Zhou et al., 2019). Los Pangolines son una especie de interés para investigar la posibilidad de que estos coronavirus se propaguen entre otras especies que aún no han sido afectadas por el SARS-CoV-2 como cerdos y aves (Shi et al., 2020; Schlottau et al., 2020).



**Figura 2.** Esquema representativo de la transmisión del SARS-CoV-2 Interespecies.

Fuente: Autores.

### Prospección futura del SARS-CoV-2 en animales

Los cambios en la secuencia genética del virus capaces de afectar la capacidad de infección en la célula son denominadas mutaciones (Bravo, 2021). Las mutaciones del SARS-CoV-2 se han observado tanto en animales como en humanos, llegando a ser leves sin generar un daño significativo o capaces de alterar característicamente al virus (García et al., 2021). En una granja de Holanda se evidenció una población de visones americanos los cuales estaban infectada con SARS-CoV-2 logrando observar la presencia de mutaciones específicas del virus, llegando hasta el punto de transmitir este virus a los humanos; debido a toda esta problemática se implementó

el uso de medidas de control, entre ellas, el sacrificio de los ejemplares (Morant, 2022).

A mediados del 2020 se identificaron diferentes linajes del virus SARS-CoV-2, el primer linaje identificado fue el Beta (B.1.351) en Sudáfrica en mayo de 2020, seguido por el linaje Alpha (B.1.1.7) en el Reino Unido en septiembre de 2020 (Zerpa et al., 2021). En noviembre de 2020, se reconoció la variante Gamma (P1) originaria de Brasil (Ramirez et al., 2022). Han surgido recientemente las variantes Delta y Ómicron del SARS-CoV-2, las cuales se clasificaron como variantes de preocupación debido a su alta transmisibilidad en comparación con otras variantes (Farinholt et al, 2021). Se han reportado casos de transmisión de la variante Delta de vuelta a varias especies, incluyendo gatos, perros, pumas y leones en un zoológico en Sudáfrica (Köppel et al., 2022) así como hamsters sirios en tiendas de mascotas en Hong Kong (Yen et al., 2022).

Las especies animales de interés que manejan una estrecha relación con los seres humanos son: visones americanos y hurones, por su susceptibilidad a la infección y el papel que desempeñan en la propagación del virus (Portalés, 2021); felinos, entre ellos los gatos y los leones, por la capacidad que tienen de transmitir el virus a otros felinos y en algunos casos la transmisión a humanos (Salas et al., 2020); perros, aunque ha habido presencia de infección por SARS-CoV-2, esta especie tienen una baja susceptibilidad y una baja capacidad de transmisión del virus (Tabla 1) (Meunier et al., 2021). Hay que destacar que las especies animales son las responsables de que exista una propagación del virus en la población humana (Villanueva et al., 2021).

La infección previa a coronavirus humanos circulantes (HCoV) provocan respuestas inmunitarias de protección cruzada para la infección por SARS-CoV-2 en humanos (Fritz et al., 2021; Bravo, 2021), lo que podría disminuir las complicaciones desfavorables en pacientes con comorbilidades (Lesmes et al., 2023) estudio como este realizado en Sudáfrica, podría extrapolarse a la infección SARS-CoV-2 en animales con el fin de alcanzar un conocimiento amplio sobre el desarrollo y mecanismos de la enfermedad en diferentes especies animales y así tener herramientas eficaces para el manejo y tratamiento de la infección.

## RECOMENDACIONES

La zoonosis inversa es un evento que se puede generar a partir de varias especies animales incluyendo caninos, felinos, pequeños rumiantes, hurones, hamsters, venados cola blanca y otros infectados por COVID-19, este evento tiene lugar durante una exposición previa con humanos infectados. En consecuencia es preciso que las organizaciones mundiales e investigativas, sigan trabajando en conjunto con el fin de identificar otras posibles especies susceptibles al SARS-CoV-2, además de identificar las posibles mutaciones que afectan tanto a humanos como animales considerándose esto un evento agravante que contribuye al escape inmunitario de las variantes antes lo mecanismos de defensa por inmunización previa, finalmente la información que se sintetizó en este documento intenta crear conciencia y generar medidas preventivas para mitigar la propagación del SARS-CoV-2 interespecie aportando al crecimiento del movimiento "One Health".

## REFERENCIAS

1. Bao L, Z Song, J Xue, H Gao, J Liu, J Wang, Q Guo, B Zhao, Y Qu, F Qi, S Gong, M Liu, Q Lv, D Li, Y Han, W Zhao, S Deng, Y Liu, Z Xiang, B Yang, W Deng, H Yu, Z Cong, Q Wei, J Xu, GF Gao y C Qin. "Susceptibilidad y transmisibilidad atenuada del SARS-CoV-2 en gatos domésticos". *J infectar enfermedad*, 2021; 223(8):1313-1321. DOI: <https://doi.org/10.1101/2022.02.04.479189>
2. Bedoya-Sommerkamp Marcelo, Medina-Ranilla Jesús, Chau-Rodríguez Víctor, Li-Soldevilla Renato, Vera-Albújar Álvaro, & García Patricia J. Variantes del SARS-CoV-2: epidemiología, fisiopatología y la importancia de las vacunas. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*, 2021; 38(3), 442-451.
3. Bravo, M. T. V. SARS-CoV-2: Importancia de la vigilancia genómica de variantes. *Revista del Instituto de Salud Pública de Chile*, 2021; 5(1).
4. Breiman A, Ruven-Clouet N, Le Pendu, J. Aprovechamiento de la respuesta inmune natural anti-glicanos para limitar la transmisión de virus, 2020.
5. Bruno F, Spada E, Castelli G, Vitale F, Reale S, Biondi V, Migliazzo A, Perego R, Baggiani L, Proverbio D. ¿Los fenotipos sanguíneos del sistema de grupo sanguíneo AB felino afectan el estado serológico del anticuerpo SARSCoV- 2 en gatos? *virus*, 2022; 14, 2691. DOI: <https://doi.org/10.3390/v14122691>
6. Burrell CJ, Howard CR y Murphy FA. Coronavirus. *Virología médica de Fenner y White*, 2017; 437.
7. Cabrera A, González-Álvarez D, Gutiérrez LA, Díaz FJ, Forero D, Rodas JD. Infección natural por SARS-CoV-2 en gatos y perros domésticos de personas con diagnóstico de COVID-19 en el Valle de Aburrá, Antioquia. *Biomédica*.

- 2022;42(Supl.2):48-58  
<https://revistabiomedica.org/index.php/biomedica/article/view/6407>
8. Cardoso NP, Rivero C, Castillo M, Mansilla FC, Pastorino P, Piccirilli G, Alonso L, Martínez G, Lullo DD, Bentancor LV and Capozzo AV. Tamizaje serológico de infección por SARS-CoV-2 en animales de compañía de Buenos Aires afueras. *Frente. Veterinario. Ciencia.* 2023;10:1161820. DOI: 10.3389/fvets.2023.1161820
  9. Chen H, Guo J, Wang C, Luo F, Yu X, Zhang W. Clinical characteristics and intrauterine vertical transmission potential of COVID-19 infection in nine pregnant women: a retrospective review of medical records. *The Lancet*, 2020; 395(10226): 809-15.
  10. Conceicao C, Thakur N, Human S, Kelly JT, Logan L, Bialy D, et al. La proteína espiga del SARS-CoV-2 tiene un amplio tropismo por las proteínas ACE2 de los mamíferos. *PLoS Biol*, 2020; 18:e3001016. DOI: 10.1371/JOURNAL.PBIO.3001016
  11. Cortés, Manuel E. ,Coronavirus como amenaza a la salud pública. *Revista médica de Chile*, 2020; 148 (1), 124-126. DOI: <https://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872020000100124>
  12. Chacón García, M. C., Velásquez Peña, M. A., & Jaramillo-Hernández, D. A. Revisión sistemática de la situación epidemiológica y análisis genómico del SARS-CoV-2 aislado de perros y gatos domésticos. *Revista De Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 2022; 33(3). DOI: <https://doi.org/10.15381/rivep.v33i3.22909>
  13. Damas J, Hughes GM, Keough KC, Painter CA, Persky NS, Corbo M, Hiller M, Koepfli KP, Pfenning AR, Zhao H, Genereux DP, Swofford R, Pollard KS, Ryder OA, Nweeia MT, Lindblad-Toh K, Teeling EC, Karlsson EK, Lewin HA Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2022; 117(36):22311–22322. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.2010146117>
  14. Espinoza, J., & Ch, R. C. Variante Ómicron SARS-CoV-2: Una nueva variante de preocupación. *Boletín Micológico*, 2021; 36(2).
  15. Fan Y, Li X, Zhang L, Wan S, Zhang L y Zhou F. SARS-CoV-2 Variante Omicron: avances recientes y perspectivas de futuro. *Transducción de señales y terapia dirigida*, 2022; 7 (1), 141.
  16. Farinholt, T. El evento de transmisión de la variante delta del SARS-CoV-2 revela múltiples infecciones por avance de la vacuna. *BMC Med*, 2021; 19, 255, doi:10.1186/s12916-021-02103-4
  17. Fritz M, Rosolen B, Krafft E, Bécquart P, Elquero E, Vratskik O, Denollv S, Boson B, Vanhomwegen I, Gouilh MA. Alta prevalencia de anticuerpos contra el m SARS-CoV-2 en mascotas de hogares con COVID-19+. *una salud*, 2021; 100192.
  18. Fusco G, Cardillo L, Levante M. First serological evidence of SARS-CoV-2 natural infection in small ruminants. *Vet Res Commun*, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11259-022-10044-3>
  19. García León M, Bautista Carbajal P, Ángel Ambrocio A, Valadez González Y, Vásquez Martínez L, Morales Fernández A & Wong Chew, R. Caracterización genómica y variantes del virus SARS-CoV-2. *Acta Médica Grupo Ángeles*, 2021; 19(3), 445-456.
  20. Gaudreault NN, Cool K, Trujillo JD, Morozov I, Meekins DA, McDowell C, Bold D, Carossino M, Balaraman V, Mitzel D, Kwon T, Madden DW, Artiaga BL,

- Pogranichniy RM, Roman-Sosa G, Wilson WC, Balasuriya UBR, García-Sastre A, Richt JA. Susceptibilidad de ovejas a la coinfección experimental con el linaje ancestral de SARS-CoV-2 y su variante alfa. *BioRxiv*, 2021 22 de noviembre, 2021; 11.15.468720. Actualizar. Los microbios emergentes infectan 1–27. <https://doi.org/10.1101/2021.11.15.468720>
21. Gerhards Nora M. , Jose L. Gonzales, Sandra Vreman, Lars Ravesloot, Judith M.A. van den Brand, Harmen P. Doekes, Herman F. Egberink, Arjan Stegeman, Nadia Oreshkova, Wim H.M. van der Poel, Mart C.M. de Jong *bioRxiv*, 2022; 06.17.496600; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.06.17.496600>
  22. Goryoka GW, Cossaboom CM, Gharpure R, Dawson P, Tansey C, Rossow J, y Barton Behravesh C. Una investigación de Health sobre la infección por SARS-CoV-2 y la seropositividad entre mascotas en hogares con casos confirmados de COVID-19 en humanos: Utah y Wisconsin, *Viruses*, 2021; 13 (9), 1813.
  23. Guillon, P.; clmimento, M.; Smibille, V.; Rivain, J.-G.; Chou, C.-F.; Ruvoen-Clouet, N.; Le Pendu, J. Inhibición de la interacción entre la proteína Spike del SARS-CoV y su receptor celular por anticuerpos anti-histo-grupo sanguíneo. *Glicobiología*, 2008; 18, 1085–1093.
  24. Hale VL, Dennis PM, McBride DS, Nolting JM, Madden C, Huey D, Ehrlich M, Grieser J, Winston J, Lombardi D, Gibson S, Saif L, Killian ML, Lantz K, Tell RM, Torchetti M, Robbe-Austerman S, Nelson MI, Faith SA, Bowman AS. SARS-CoV- 2 Infección en ciervos de cola blanca en libertad. *Naturaleza*, 2022; 602 (7897): 481– 486. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04353-x>
  25. Halfmann PJ, Hatta M, Chiba S, Maemura T, Fan S, Takeda M, Kinoshita N, Hattori S, Sakai-Tagawa Y, Iwatsuki-Horimoto K, Imai M, & Kawaoka Y. Transmission of SARS-CoV-2 in Domestic Cats. *New England Journal of Medicine*, 2020; 383(6), 592-594. DOI: <https://doi.org/10.1056/NEJMc2013400>
  26. Harvey, WT et al. Variantes de SARS-CoV-2 de pico y escape inmunológico. *Nat. Rev. Microbiol*, 2021; 19,409-424
  27. Hasoksuz M, Vlasova A, Saif LJ. Detección de coronavirus del grupo 2a con énfasis en cepas de bovinos y rumiantes salvajes. En: Cavanag D (editor). *SARS y otros coronavirus*. Totowa, Nueva Jersey, EE. UU.: Humana Press, 2008; págs. 43-60.
  28. He X, Hong W, Pan X, Lu G & Wei X. SARS-CoV-2 Omicron variant: characteristics and prevention. *MedComm*, 2021; 2(4), 838-845.
  29. Hernández RJ. Aspectos clínicos relacionados con el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS-CoV-2). *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, 2020; 19(Suppl: 1):1-18.
  30. Hui, KPY et al. Replicación de la variante SARS-CoV-2 Omicron en bronquios y pulmones humanos ex vivo. *Naturaleza*, 2022; 603,715–720
  31. Jo WK, Oliveira-Filho EF, Rasche A, Greenwood AD, Osterrieder K, Drexler JF. Fuentes zoonóticas potenciales de infecciones por SARS-CoV-2. *Enfermedades emergentes transfronterizas*, 2021; 68:1824–34. DOI: 10.1111/TBED.13872
  32. Jaramillo-Hernández, Dumar Alexander and Chacón, Maria Clara and Velásquez, Maria Alejandra and Vásquez-Trujillo, Adolfo and Sánchez Blanco, Ana Patricia and García Martínez, Gina Lorena and Velasco-Santamaría, Yohana Maria and Pedraza castillo, Luz Natalia and Lesmes-Rodríguez, Lida Carolina. Seroprevalence of Exposure to SARS-CoV-2 in Domestic Dogs and

- Cats and its Relationship with COVID-19 Cases in the City of Villavicencio, Colombia, 2022; DOI: <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4156064>
33. Köppel, KNet al. SARS-CoV-2 Zoonosis inversa a pumas y leones, Sudáfrica. ciervos en estados de EE. UU. y hámsters sirios en tiendas de mascotas en Hong Kong, 2022; DOI:10.3390/v14010120,
  34. Kupferschmidt, k ¿De dónde vino el “extraño” Ómicrocon? Ciencia, 2021; 374,1179
  35. Lesmes-Rodríguez Lida C., Lambarey Humaira, Chetram Abeen, Riou Catherine, Wilkinson Robert J., Joyimbana Wendy, Jennings Lauren, Orrell Catherine, Jaramillo-Hernández Dumar A., Schäfer Georgia. Previous exposure to common coronavirus HCoV-NL63 is associated with reduced COVID-19 severity in patients from Cape Town, South Africa, 2023; URL: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fviro.2023.1125448>
  36. Liang X, Chen X, Zhai J, Li X, Zhang X, et al. Pathogenicity, tissue tropism and potential vertical transmission of SARSr-CoV-2 in Malayan pangolins. PLOS Pathogens, 2023; 19(5): e1011384. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1011384>
  37. Liew, Amanda Y. Ann Carpenter, Taylor A. Moore et al. Clinical and epidemiologic features of SARS-CoV-2 in dogs and cats compiled through national surveillance in the United States, 2022; PREPRINT (Version 2) available at Research Square. DOI: <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1987536/v2>
  38. Meehan, M.; Massavelli, B.; Pachana, N. Uso de la teoría del apego y la teoría del apoyo social para examinar y medir las mascotas como fuentes de apoyo social y figuras de apego. *antozoos*, 2017; 30, 273–289. DOI: <https://doi.org/10.1080/08927936.2017.1311050>.
  39. Meng, B. et al. El uso alterado de TMPRSS2 por SARS-CoV-2 Omicron afecta el tropismo y la fusogenicidad. *Naturaleza*, 2022; 603,706–714.
  40. Meunier, C., Mantei, L., Pascu, C. y Herman, V. Información actual sobre el SARS-CoV-2 en mascotas. *LUCRĂRI ȘTIINȚIFICE*, 2021; 48.
  41. Michelitsch, Anna & Allendorf, Valerie & Conraths, Franz & Gethmann, Jörn & Schulz, Jana & Wernike, Kerstin & Denzin, Nicolai. SARS-CoV-2 Infection and Clinical Signs in Cats and Dogs from Confirmed Positive Households in Germany. *Microbial Releases: Viruses, Bacteria, Fungi*, 2023; 15. 837. DOI: 10.3390/v15040837.
  42. Morant, M. La Covid-19 y el especismo contra los visones. *SIKÉ EDIZIONI*, 2022; 27.
  43. Muñoz-Fontela C, Widerspick L, Albrecht RA, Beer M, Carroll MW, de Wit E, et al. Avances y lagunas en los modelos de infección por SARS-CoV-2. *Patog de PLoS*. 2022; 18(1):e1010161.
  44. Nie, J., Li, Q., Zhang, L. et al. Comparación funcional de SARS-CoV-2 con coronavirus de pangolín y murciélago estrechamente relacionados. 2021; 7 , 21. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41421-021-00256-3>
  45. Oreshkova Nadia, Molenaar Robert Jan, Sandra Vreman, Frank más duro, Oude Munnink Bajo B, Hakze-van der Honing Renate W, Gerhards Nora, Tolsma Paulien, Ruth Bouwstra, Sikkema Reina S, Tacken Mirriam GJ, de Rooij Myrna MT, Weesendorp Eefke, Engelsma Marc Y, Brusckke Christianne JM, Smit LidwienAM, Marion Koopman, Van der Poel Wim HM, Stegeman Arjan. Infección por SARS-CoV-2 en visones de granja, Países Bajos, 2020;

- [Eurovigilancia.2020;25\(23\);pii=2001005.DOI:  
https://doi.org/10.2807/15607917.ES.2020.25.23.2001005](https://doi.org/10.2807/15607917.ES.2020.25.23.2001005)
46. Organización Mundial de la Salud (OMS). Transmisión del SARS-CoV-2: repercusiones sobre las precauciones en materia de prevención de infecciones, 2020; Consultado en: [https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/333390/WHO-2019-nCoV-Sci\\_Brief-Transmission\\_modes-2020.3-spa.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/333390/WHO-2019-nCoV-Sci_Brief-Transmission_modes-2020.3-spa.pdf?sequence=1&isAllowed=y)
  47. Organización Mundial de la Salud (OMS). Status of COVID-19 Vaccines within WHO EUL/PQ evaluation. 2021; Consultado en: [https://extranet.who.int/pqweb/sites/default/files/documents/Status\\_COVID\\_VAX\\_01April2021.pdf](https://extranet.who.int/pqweb/sites/default/files/documents/Status_COVID_VAX_01April2021.pdf)
  48. Organización Mundial de Sanidad Animal (WOAH). Infección por SARS-CoV-2 en animales. 2020; Consultado en: [https://www.oie.int/fileadmin/Home/MM/A\\_Sampling\\_Testing\\_and\\_Reporting\\_of\\_SARS-CoV-2\\_in\\_animals\\_3\\_July\\_2020.pdf](https://www.oie.int/fileadmin/Home/MM/A_Sampling_Testing_and_Reporting_of_SARS-CoV-2_in_animals_3_July_2020.pdf)
  49. Patterson EI, Elia G, Grassi A et al. Evidencia de exposición al SARS-CoV-2 en gatos y perros de hogares en Italia. Nat Común, 2020; 11, 6231. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-200970>
  50. Pérez-Narváez, M & Tufiño A. Teleeducación y COVID-19. CienciAmérica, 2020; 9(2), 58-64. DOI: <https://doi.org/10.33210/ca.v9i2.296>
  51. Portalés Sebastian, N. SARS-CoV-2: origen zoonótico y transmisión a otras especies animales (Bachelor's thesis). 2021.
  52. Ramírez-García, S. A. Enantema palatofaríngeo en las variantes genéticas de la COVID-19 y su sensibilidad. Cirugía y cirujanos, 2022; 90(3), 429-430.
  53. Rendon-Marín S, Martínez-Gutiérrez M, Whittaker GR, Jaimes JA, Ruiz-Saenz J. SARS CoV-2 spike protein in silico interaction with ACE2 receptors from wild and domestic species. Front Genet, 2021; 12:571707 <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2021.571707/full>
  54. Salas R G, del Río M M & Concepción I. P. Animales silvestres como fuente de transmisión del coronavirus COVID-19. Dilemas contemporáneos: Educación, Política y Valores, 2020.
  55. Schlottau, K. et al. SARS-CoV-2 en murciélagos frugívoros, hurones, cerdos y pollos: un estudio de transmisión experimental. Lancet Microbe, 2020; 1 , e218–e225.
  56. Shao W, Zhang W, Fang X, Yu D & Wang X. Challenges of SARS-CoV-2 Omicron Variant and appropriate countermeasures. Journal of Microbiology, Immunology, and Infection, 2022; 55(3), 38
  57. Shi H, Han X, Jiang N, Cao Y, Alwalid O, Gu J, et al. Hallazgos radiológicos de 81 pacientes con neumonía por COVID-19 en Wuhan, China: un estudio descriptivo. Lancet Infect Dis. 2020; 20(4):425–34.
  58. Shi, J. et al. Susceptibilidad de hurones, gatos, perros y otros animales domésticos al SARS-coronavirus 2. Science, 2020; 368 , 1016–1020
  59. Shuai, H. et al. Replicación atenuada y patogenicidad de SARS-CoV-2 B.1.1.529. 2022
  60. Sila T, Sunghan J, Laochareonsuk W, et al. Sospecha de transmisión de gato a humano del SARS-CoV-2, Tailandia, julio-septiembre de 2021. Revista de enfermedades infecciosas emergentes 2022; 28.
  61. Spada E, Perego R, Baggiani L, Salatino E, Priolo V, Mangano C, Pennisi MG, Proverbio D. Prevalencia de tipos de sangre y aloanticuerpos del sistema de

- grupos sanguíneos AB en gatos sin pedigrí del norte (Lombardía) y sur (Sicilia) de Italia. *Animales*, 2020.
62. Stevanovic V, Vilibic-Cavlek T, Tabain I, Benvin I, Kovac S, Hruskar Z, Mauric M, Milasincic L, Antolasic L, Skrinjaric A, Staresina V, Barbic L. 2020, Seroprevalence of SARS-CoV-2 infection among pet animals in Croatia and potential public health impact, 2020; DOI: 10.1111/tbed.13924
  63. Sun SH, Chen Q, Gu HJ, Yang G, Wang YX, Huang XY, et al. Un modelo de ratón de infección y patogénesis por SARS-CoV-2. *Microbio huésped celular*. 2020; 28(1):124–33.e4.
  64. Temmam S, Vongphayloth K, Baquero E, Munier S, Bonomi M, Regnault B, et al. Coronavirus de murciélago relacionados con el SARS-CoV-2 e infecciosos para células humanas. *Naturaleza*. 2022; 604(7905):330–6.
  65. Teodoro G, Valleriani F, Puglia I, Mónaco F, Di Pancrazio C, Luciani M, Krasteva I, Petrini A, Marcacci M, D'Alterio N, Curini V, Iorio M, Migliorati G, Di Domenico M, Morelli D, Calistri P, Savini G, Decaro N, Holmes EC, Lorusso A. El SARSCoV- 2 se replica en cultivos de órganos respiratorios ex vivo de especies de rumiantes domésticos. *Vet Microbiol*, 2021; 252:108933. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108933>
  66. Vandegrift, Michele Yon, Meera SurendranNair, Abhinay Gontu, Saranya Amirthalingam, Ruth H. Nissly, Nicole Levine, Tod Stuber, Anthony J. DeNicola, Jason R. Boulanger, Nathan Kotschwar, SarahGrimké Aucoin, Richard Simon, Katrina Toal, Randall J. Olsen, James J. Davis, Dashzeveg Bold, Natasha N.Gaudreault, Juergen A. Richt, James M. Musser, Peter J. Hudson, Vivek Kapur, Suresh V. Kuchipudi. Detection of SARS-CoV-2 Omicron variant (B.1.1.529) infection of white-tailed deer, 2022.
  67. Villanueva-Saz S, Giner J, Tobajas AP, Pérez MD, González-Ramírez AM, Macías-León J, Fernández A. Serological evidence of SARS-CoV-2 and co-infections in stray cats in Spain. *Transboundary and Emerging Diseases*, (March), 2021; 1–9. DOI: 10.1111/tbed.14062.
  68. Wacharapluesadee S, Tan CW, Maneeor P, Duengkae P, Zhu F, Joyjinda Y, et al. Evidencia de coronavirus relacionados con el SARS-CoV-2 que circulan en murciélagos y pangolines en el sudeste asiático. *Nat Comun*, 2021; 12(1):972.
  69. Yan W, Shana, Graham R, Baric RS, Li F. Reconocimiento de receptores por el nuevo coronavirus de Wuhan: un análisis basado en estudios estructurales: de diez años de duración de coronavirus de SARS, 2020; / *Viro*.94, e00127-20.
  70. Yen kong, H.-L. a. S., Thomas HC y Brackman, Christopher J. y Chuk, Shirley SY y Cheng, Samuel MS y Gu, Haogao y Chang, Lydia DJ y Krishnan, Pavithra y Ng, Daisy YM y Liu, Gigi YZ y Hui, Mani MY y Ho, Sin Ying y Tam, Karina WS y Law, Pierra YT y Su, Wen y Sia, Sin Fun y Choy, Ka-Tim y Cheuk, Sammi SY y Lau, Sylvia PN y Tang, Amy WY y Koo, Joe CT y Yung, Louise y Leung, Gabriel y Peiris, JS Malik y Poon, Leo LM. Transmisión de SARS-CoV-2 (Variante Delta) de hámsters domésticos a humanos y propagación humana posterior de la cepa adaptada: un estudio de caso. SSRN, 2022. DOI: <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4017393>
  71. Zerpa Solari L, Huayra Niquén J, Padilla Rojas C P, Hurtado Vela C V, Mestanza Millones O, Morales Ruiz S & Acedo Lazo S. Informe técnico: Identificación de linajes circulantes de SARS-CoV-2 en el Perú, 2021.

72. Zhai X, Sun J, Yan Z, Zhang J, Zhao J, Zhao Z, Gao Q, He WT, Veit M, Su. Comparación de la unión de la proteína del pico del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo a los receptores ACE2 de humanos, mascotas, animales de granja y huéspedes intermedios putativos. *J Virol*, 2020; 94(15):e00831–e00820. <https://doi.org/10.1128/JVI.00831-20>
73. Zhang Q, Zhang H, Huang K, Yang Y, Hui X, Gao J, He X, Li C, Gong W, Zhang Y, Peng C, Gao X, Chen H, Zou Z, Shi Z, Jin M. SARS-CoV-2 neutralizing serum antibodies in cats: a serological investigation. *Biorxiv*, 2020; DOI: 10.1101/2020.04.01.021196.
74. Zhou P, Yang XL, Wang XG, Zhana L, Zhana W, Si HR, Zhu Y, Li B, Huana CL et al. Un brote de neumonía asociado a un nuevo coronavirus de probable origen murciélago. *Naturaleza*, 2020; 579, 270-273.
75. Zhou S, Wang Y, Zhu T, Xia L. CT características de la neumonía por enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) en 62 pacientes en Wuhan, China. *AJR Am J Roentgenol*. 2019; 214(6):1287–94.