



# SARS COV-2.

---

## Un nuevo desafío para la conservación de la fauna silvestre

---

Las consecuencias de la pandemia provocada por la emergencia del virus SARS-COV-2, agente causal de COVID-19 son múltiples e incluso, muchas de ellas, aún desconocidas. Los científicos hoy investigan el rol que cumplen los animales en la transmisión viral, y cuales podrían ser las consecuencias de la circulación masiva del virus para especies silvestres susceptibles.

¿Existe riesgo de transmisión de este virus desde los humanos infectados a los animales silvestres?

¿Son los murciélagos y los primates del “Nuevo Mundo” capaces de mantener infecciones virales y convertirse en nuevos reservorios?

¿Puede este virus ser una amenaza para la conservación de las especies silvestres en algunas regiones?

---

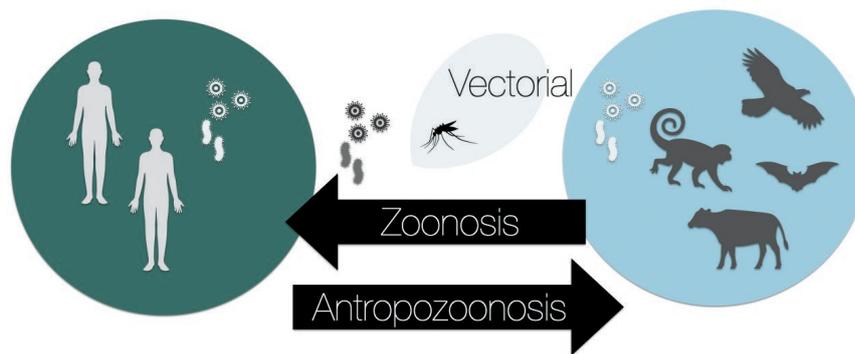
Conocidas por la ciencia desde tiempos inmemoriales, las zoonosis han cobrado mayor relevancia en los últimos tiempos a la luz de la emergencia de enfermedades, y asociadas a la ocurrencia de fenómenos de “*spillover*” (saltos o “derrames” de patógenos) que ocurren entre especies y que pueden afectar a los humanos. Actualmente se reconoce que las enfermedades infecciosas emergentes tienen un impacto no solo en la salud humana, sino también en la conservación de la biodiversidad. Las antropozoonosis o zoonosis inversas, en cambio, son menos conocidas.

Desde una postura antropocéntrica, nos cuesta asumir el rol que tenemos como parte de los ecosistemas que habitamos. Solemos centrar nuestra atención en aquello que nos afecta directamente, resultándonos más dificultoso atender cuestiones que determinan un daño a otras especies. Situaciones como la pandemia de COVID-19, evidencian que tarde o temprano, los daños al ambiente y a las especies con las que cohabitamos, redundan en daños a nosotros mismos.

La transmisión de patógenos desde las personas a la fauna, aunque menos estudiada, ha sido descrita en múltiples oportunidades, y muchos de estos eventos han significado una amenaza para varias especies silvestres. La transmisión de un coronavirus frecuentemente presente en humanos, el HCoV OC43, fue comprobada de humanos a chimpancés en el Parque Nacional Tai en Costa de Marfil durante actividades turísticas. Algunos patógenos bien conocidos incluso, han cruzado repetidamente las barreras entre especies, tal como ha ocurrido con el virus de la influenza H1N1.

El rol de los humanos en relación a la transmisión de patógenos que afectan a la fauna no se limita exclusivamente a la transmisión directa, sino que en muchos casos se asocia al comportamiento humano y a los movimientos de animales y sus patógenos asociados. El hongo *Pseudogymnoascus destructans*, causante del síndrome de la nariz blanca, ha provocado una mortalidad masiva generalizada de más de 12 especies de murciélagos en Estados Unidos y Canadá, matando a millones de individuos. Muchos estudios sugieren que el hongo se introdujo en América del Norte desde Europa o Asia, por el movimiento de humanos o materiales contaminados con esporas.

El vertiginoso ritmo con el cual el virus SARS-CoV-2 se ha expandido por todos los rincones del planeta puso en



Zoonosis y antropozoonosis, pueden o no transmitirse a través de vectores, según el patógeno.

evidencia nuestra vulnerabilidad ante situaciones propiciadas, en definitiva, por las acciones humanas. Los científicos hoy investigan el rol que cumplen los animales en la transmisión del SARS-CoV-2, y cuales podrían ser las consecuencias de la circulación masiva del virus en poblaciones humanas, especialmente para especies silvestres susceptibles. En la actualidad se conoce que muchos animales, domésticos y silvestres en cautiverio, han adquirido el virus por contacto cercano con humanos infectados. También se ha modelado la susceptibilidad de varias especies al SARS-CoV-2, sugiriéndose un mayor riesgo para ciertos taxones.

#### Un origen en la degradación ambiental

Las enfermedades emergentes son aquellas causadas por patógenos recientemente descubiertos, o que aparecieron recientemente en una población o que fueron aumentando rápidamente su incidencia o rango geográfico. Generalmente son resultado de cambios evolutivos, ecológicos y genéticos en agentes infecciosos o en los hospedadores. Las enfermedades re-emergentes alguna vez estuvieron controladas y volvieron a aparecer en la actualidad; algunos autores las describen como “enfermedades nuevas, problemas antiguos”. El 75% de las enfermedades infecciosas emergentes que afectan a los humanos son de origen animal y muchas de ellas se transmiten a través de artrópodos vectores.

El cambio climático y la degradación ambiental producto de las modificaciones en el uso de la tierra, han propiciado la transmisión de patógenos, muchos de ellos zoonóticos, alrededor del mundo. En ecosistemas naturales, los

ciclos de transmisión de ciertas enfermedades ocurren en entornos silvestres sin interferencia de las personas, involucrando a diversas especies animales. Sin embargo, de la mano de la degradación de los ecosistemas, los humanos se han expuesto a ciertos agentes infecciosos a los que antes no tenían acceso. Nuevos ambientes de interfaz entre humanos y otras especies animales se generan minuto a minuto con cada hectárea deforestada, y allí, en medio del desequilibrio ambiental, algunos hospedadores, patógenos y vectores, se adaptan, evolucionan y persisten, mientras que algunas otras especies se extinguen.

Del mismo modo, la globalización y el comercio ilegal de especies silvestres generan nuevos escenarios de transmisión. El transporte y mantenimiento de múltiples especies animales en condiciones de hacinamiento y estrés favorece la transmisión de patógenos en diferentes sentidos. Muchos agentes infecciosos y parasitarios encuentran ventaja en esta situación en la que disponen de múltiples hospedadores, generalmente carentes de inmunidad específica, o con un sistema inmune deprimido bajo condiciones de estrés. El contacto de estos animales silvestres infectados con las personas, ya sea de manera directa o a través de la sangre durante la faena, determina un alto riesgo de transmisión de ciertos patógenos al humano.

En estos contextos, los animales domésticos e incluso algunas especies silvestres generalistas pueden funcionar como amplificadores de las enfermedades originadas en ambientes silvestres, determinando que las cargas de un patógeno sean mayores al llegar a las personas.

El salto de un patógeno atravesando las barreras entre especies se denomina *spillover* y su ocurrencia requiere de la



Deforestación del bosque chaqueño en Santiago del Estero, Argentina. Fotografía: Marcela Orozco.



Interfaz en el borde de las áreas deforestadas para cultivo de soja en Chaco. Fotografía: Marcela Orozco.

combinación perfecta de múltiples variables. Por ello, a pesar de la cantidad de ambientes de interfaz que se generan permanentemente, los *spillover* con consecuencias graves para los humanos, no son tan frecuentes. Sin embargo, cuando ocurren pueden tener gran impacto.

En resumen, los ambientes de interfaz que resultan de la degradación ambiental, resultan esenciales en la transmisión de patógenos entre especies, ya que es allí donde el contacto se ve propiciado y pueden alinearse perfectamente las variables que determinan un *spillover*.

### Viejos conocidos

Varios coronavirus están entre nosotros con anterioridad al surgimiento del SARS-CoV-2. Entre el 5 y el 10 % de las enfermedades respiratorias agudas que afectan a los humanos cada invierno son causadas por coronavirus diversos y se supone que un 2% de la población funciona como portador sano de algún coronavirus.

Si indagamos sobre el origen de estos virus humanos, nuevamente llegamos a especies animales. Muchos autores postulan un origen evolutivo de estos virus en murciélagos o en roedores, mientras que un estudio más reciente reveló que el coronavirus que causó la pandemia de gripe rusa a fines del siglo XIX, podría haberse originado o al menos evolucionado en bovinos o porcinos.

Existen cuatro géneros de coronavirus dentro de la Familia Coronaviridae: los alfacoronavirus, los betacoronavirus, los deltacoronavirus y los gamacoronavirus. Algunos estudios sugieren que los murciélagos y los roedores son las fuentes genéticas de alfacoronavirus y betacoronavirus, mientras que los del-

tacoronavirus y los gamacoronavirus podrían haberse originado en especies de aves. Los coronavirus que afectan a los humanos son generalmente alfacoronavirus y betacoronavirus, y hasta la fecha se han identificado siete. Cuatro de ellos causan infecciones de las vías respiratorias superiores, mientras que los otros tres incluyen al SARS-CoV, el MERS-CoV y al SARS-CoV-2 y causan enfermedades de gravedad variable.

Son virus grandes de ARN, con un genoma de gran tamaño, helicoidal y con una única hebra. En la envoltura viral se encuentran al menos 3 estructuras proteicas: la proteína M de membrana, la proteína E de ensamblaje viral, y la proteína S localizada en las espigas e implicada en la penetración del virus en las células hospedadoras. Estas espigas conforman proyecciones en la superficie del virus cuya disposición recuerda a una corona, lo que les ha dado el nombre.

Los coronavirus son capaces de modificarse en un período de tiempo más corto que otros virus, dada su capacidad de mutación y recombinación genética, lo que está dado en parte, por la longitud del ARN de coronavirus, que es superior la de otros virus ARN, lo que aumenta la probabilidad de “errores de copia” en comparación con otros virus más cortos. La amplia distribución que tienen estos virus facilita su recombinación, en la cual material genético de diferente origen (por ejemplo, dos variantes diferentes del virus) se intercambia en el hospedador co-infectado.

### Coronavirus que hicieron historia

Entre 2003 y 2004 un coronavirus causó la epidemia de síndrome respiratorio agudo grave (SARS) en China, afectando a 8.500 personas y exten-

diéndose a 29 países, con una tasa de mortalidad del 10%. Pasaron 15 años hasta que los investigadores descubrieron su origen. Desde 2005, la vigilancia epidemiológica en China permitió detectar varios coronavirus relacionados con el agente causal de la epidemia, el SARS-CoV, en murciélagos *Rhinolophus* spp. en diferentes áreas de ese país. También se postuló que las civetas (*Paguma larvata*) funcionaron como hospedadores intermediarios del virus, aunque algunos autores sugirieron una transmisión inversa desde los humanos a las civetas. En 2017 se publicaron varias investigaciones que evidenciaron que el antecesor directo de SARS-CoV se habría originado después de eventos de recombinación entre varios coronavirus precursores, hallados en múltiples especies de murciélagos que convivían en cuevas mixtas en la provincia de Yunnan en China.

En 2012 otro coronavirus, el MERS-CoV, causó el denominado síndrome respiratorio de Oriente Medio. Si bien el virus se extendió a 27 países, el 80% de los casos se han notificado en la península arábiga, con un índice de letalidad de 35,5% entre los casos reportados, según la Organización Mundial de la Salud. Los dromedarios son el reservorio principal de las infecciones humanas y, actualmente, el MERS-CoV es enzootico en áreas de África y Asia, aunque se postula que los dromedarios podrían haber adquirido el virus a partir de un evento de *spillover* desde murciélagos. Si bien los mecanismos de transmisión aún no son claros, se conoce que los humanos adquieren la enfermedad por contacto con los dromedarios infectados, o incluso por el consumo de productos derivados de estos animales como la leche o la carne.

El SARS-CoV-2 es el agente causal de la actual pandemia de COVID-19, y fue denominado como tal por el Comité Internacional de Taxonomía de Virus por su similitud con el virus que causó el brote de SARS en 2003 en China. Recientemente se dio a conocer el genoma completo de un coronavirus llamado Bat-CoV-RaTG13, hallado en un murciélago *Rhinolophus affinis* muestreado en Yunnan en 2013. Este virus sería el pariente más cercano conocido del SARS-CoV-2, con un 96,2% de homología en su genoma. Sin embargo, la secuencia del gen que codifica el dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína S difiere sustancialmente entre los dos virus.

Se postula que el SARS-CoV-2 saltó la barrera entre especies desde los murciélagos hacia los humanos pasando por un hospedador intermedio, dado que los murciélagos implicados como posible origen estaban hibernando en el momento en que se detectó COVID-19 en China. Otro coronavirus, el pangolin-CoV, con un 90% de similitud con el virus humano, pero con una secuencia genética del RBD mucho más cercana que la hallada en el Bat-CoV-RaTG13, se halló en pangolines de Malasia (*Manis javanica*) incautados en 2017 y 2018. Si bien se había sugerido que los pangolines podrían haber actuado como hospedadores intermedios, estudios recientes sugieren que la variante viral hallada en esta especie podría estar asociada con la exposición a humanos o a otra especie infectada en el contexto del comercio ilegal.

Hasta ahora, el patrón de transmisión observado es consistente con el proceso clásico de emergencia de patógenos a partir de un reservorio animal, iniciado con la introducción del virus en una población humana no inmunizada y seguido por el establecimiento y la rápida diseminación de la infección en la nueva población hospedadora.

#### Los coronavirus en animales

Diversos coronavirus pueden hallarse en especies animales, generalmente mamíferos y aves, incluso sin causar enfermedad clínica. Las estimaciones indican que después del primer año de vida, más del 80% de las especies domésticas, incluidos perros, gatos, vacas y cerdos, son seropositivos para al menos un coronavirus.

Algunos coronavirus pueden causar enfermedades clínicas graves, como enfermedades respiratorias, entéricas, hepáticas y neurológicas en animales,

algunas de ellas reconocidas por su severidad en cerdos y bovinos. Ejemplos de alfacoronavirus que afectan a animales domésticos son el FeCoV y FIP que provocan la peritonitis infecciosa felina (PIF) en los gatos, y el coronavirus canino, que causa enfermedad gastrointestinal en los perros. Los betacoronavirus suelen afectar a carnívoros, herbívoros, erizos y murciélagos; estos últimos albergan la mayor diversidad de betacoronavirus entre los mamíferos sin presentar sintomatología clínica. Los gamacoronavirus se han hallado en cetáceos y aves, mientras que los delta-coronavirus son específicos de algunas especies de aves y porcinos.

El receptor que utiliza el SARS-CoV-2 para ingresar a las células hospedadoras en humanos es la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2), cuya secuencia genética se encuentra conservada en muchas especies de mamíferos. Esta es una de las razones por las cuales se sospecha que el virus es capaz de infectar una amplia gama de hospedadores animales, tanto domésticos como silvestres, lo cual también se ha observado naturalmente y/o demostrado experimentalmente para algunas especies.

Ensayos experimentales llevados a cabo en hurones y en gatos domésticos demostraron que ambas especies son susceptibles, ya que pueden infectarse experimentalmente y muestran signos clínicos la enfermedad. Algunos animales en también evidenciaron la capacidad de transmitir eficientemente el virus a sus compañeros de recinto.

Investigaciones recientes demostraron que también los mapaches, los conejos, los hámsteres sirios dorados y varias especies de primates (macacos *Rhesus*, monos verdes africanos y tífes) pueden infectarse experimentalmente con el SARS-CoV-2 y enfermar. Los hamsters sirios y los mapaches, además, pueden transmitir la infección a otros animales de la misma especie en entornos de laboratorio.

Desde febrero de 2020 se han detectado varios casos de infección con SARS-CoV-2 en perros y gatos domésticos. El primer caso animal confirmado por técnicas moleculares fue un perro pomerania en Hong Kong, de 17 años, mientras que el segundo caso fue un perro pastor alemán de 2 años, ambos asociados a propietarios infectados con el virus. Las secuencias genéticas de los virus de los dos perros eran idénticas a las del virus detectado en los respectivos casos humanos y ambos animales

permanecieron asintomáticos durante la cuarentena. Días más tarde reportó un gato positivo en Bélgica cuyo dueño, también positivo, había regresado de Italia en la semana previa. El gato presentó diarrea, falta de apetito, vómitos y tos, y a los nueve días del inicio de los signos clínicos comenzó a mejorar hasta resolver el cuadro. A este caso siguieron un gato positivo en Hong Kong y dos gatos en Nueva York, todos con signos respiratorios leves. Los reportes de casos siguen incrementándose hasta el día de hoy en todo el mundo, incluyendo casos en países sudamericanos como Brasil, Chile, y recientemente la Argentina. En nuestro país, en noviembre de 2020 se detectó la presencia de SARS-CoV-2 en seis animales domésticos, de los cuales tres (dos gatos y un perro) habían presentado síntomas respiratorios y/o debilidad. Una característica común a todos los casos reportados en el mundo es que las mascotas fueron mantenidas y cuidadas por propietarios infectados, por lo que se sugiere que la transmisión podría haber ocurrido desde los humanos.

También fueron reportados casos de animales silvestres infectados mantenidos en cautiverio en zoológicos. El primer caso se reportó en abril de 2020 en el Zoológico del Bronx, en un contexto circulación intensa y comunitaria de COVID-19 en Nueva York. Las autoridades anunciaron que una tigresa había resultado positiva a SARS-CoV-2 mediante pruebas moleculares y a este caso siguieron otros similares en tigres y leones africanos, con síntomas respiratorios leves. Estos casos alertaron por primera vez sobre la importancia de extremar las medidas de precaución en el manejo de animales salvajes, mediante la utilización de equipos de protección personal, entre otras medidas. En agosto de 2020 se detectó un puma positivo en un zoológico en Sudáfrica, en noviembre de 2020 varios tigres infectados fueron documentados en el Zoo Knoxville en Tennessee, Estados Unidos, y en diciembre de 2020 se reportaron cuatro leones infectados en el Zoo de Barcelona, España.

En los Países Bajos, a fines de abril de 2020, se informó SARS-CoV-2 en dos granjas productoras de piel de visón americano (*Neovison vison*). Varios animales presentaron signos respiratorios y gastrointestinales, y las tasas de mortalidad del plantel fueron mayores a las esperadas. Meses más tarde, el virus se había detectado en

múltiples granjas peleteras holandesas, y hacia fines de 2020 existen reportes en Dinamarca, España, Italia, Estados Unidos, Suecia, Francia, Lituania, Polonia, Canadá y Grecia. A consecuencia de esta situación, en España se sacrificaron casi 100.000 visones y se estima que más de un millón han sido sacrificados en Holanda. Si bien inicialmente se consideró que algunos trabajadores positivos al SARS-CoV-2 podrían ser la fuente de las infecciones de visones, en la actualidad no se conoce con exactitud cual es el sentido en el que ocurre la transmisión. Entre mayo y noviembre de 2020 se detectaron en Holanda y en Dinamarca, humanos infectados con variantes del SARS-CoV-2 asociadas con visones de cría; y a fin de ese mes se notificó la ocurrencia de una nueva variante llamada “cluster 5”. Las autoridades de Dinamarca ordenaron el sacrificio de más de 17 millones de visones de cría y la cuarentena y monitoreo de las poblaciones humanas del área mediante pruebas moleculares.

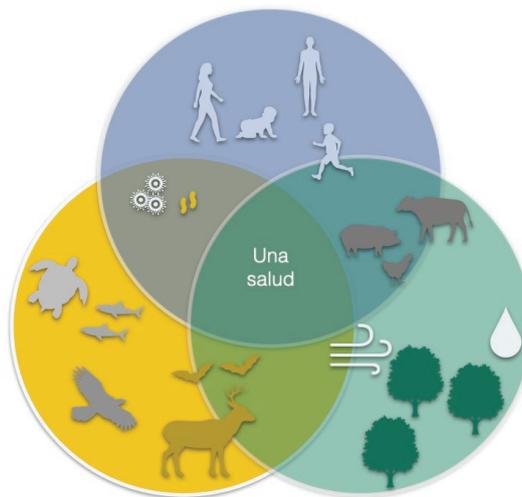
#### Proteger a la fauna silvestre del SARS-CoV-2

A medida que atravesamos la pandemia, nuevos estudios demuestran la susceptibilidad de diferentes especies animales al SARS-CoV-2. Como se describió anteriormente, hoy se conoce que varias especies animales son susceptibles al virus y pueden enfermar. Incluso recientemente se demostró que algunas especies silvestres pueden transmitir el virus, posibilidad que al inicio de la pandemia había sido minimizada.

Cabe preguntarse entonces cuál es el riesgo de transmisión de SARS-CoV-2 a la fauna silvestre a partir de humanos infectados, y si una vez introducido el virus en nuevas poblaciones silvestres, estas especies serían capaces de mantenerlo y transmitirlo, funcionando como nuevos reservorios.

Varios estudios y análisis de riesgo se están llevando a cabo en el mundo para determinar este riesgo. La proximidad filogenética a los humanos podría predecir, aunque parcialmente, la susceptibilidad o resistencia al virus. En principio entonces es esperable que los grandes simios filogenéticamente relacionados con los humanos, resulten más susceptibles a la infección por el SARS-CoV-2.

Por su parte, muchas instituciones se encuentran llevando a cabo análisis



El enfoque “Una salud”, que contempla las múltiples interacciones entre salud humana y la sanidad animal en un contexto ambiental integrado.

de riesgo con foco en determinadas especies en contextos concretos. Por ejemplo, un estudio reciente estableció que los murciélagos norteamericanos son potenciales hospedadores de SARS-CoV-2 y que es posible que las poblaciones silvestres carezcan de inmunidad a virus relacionados.

Partiendo del conocimiento que indica que el receptor ACE2 es un determinante importante en la susceptibilidad de una especie animal al SARS-CoV-2, un análisis de ese receptor predijo de manera comparativa su propensión a unirse al virus en diferentes especies. Un total de 18 especies de mamíferos silvestres resultaron de muy alta susceptibilidad por portar una estructura de receptor ACE2 idéntica a la del humano, incluyendo primates del Viejo Mundo y grandes simios. Varias especies de cetáceos, roedores, cérvidos, primates y xenartros mostraron una alta susceptibilidad incluyendo al oso hormiguero gigante y al tamandúa. Entre las especies de afinidad media se encuentran varios carnívoros, incluidos el gato doméstico y el tigre siberiano, algunos artiodáctilos, y diferentes especies de primates del Nuevo Mundo como monos aulladores. Un dato relevante es que un 40% de las especies de “alta susceptibilidad” se clasifican en una de las tres categorías de amenaza en la Lista Roja de Especies Amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN). Si bien se trata de análisis *in silico*, es decir, simulaciones realizadas por computadora, los resultados permiten comenzar a orientar algunas estrategias de prevención y manejo de fauna.

Los humanos a menudo entramos en contacto con la fauna silvestre o con los entornos que habitan, ya sea a través de actividades ocupacionales o recreativas. Los riesgos relacionados con la transmisión de SARS-CoV-2 a la fauna silvestre podrían tener implicancias tanto para la conservación de las especies como para la salud humana. Varios autores han sugerido y enumerado los posibles riesgos: i) la potencialidad de SARS-CoV-2 para infectar a diferentes especies silvestres, pudiendo causar enfermedad y mortalidad en ambientes naturales, ii) el posible establecimiento de nuevos reservorios silvestres capaces de causar infecciones humanas, iii) la persistencia de SARS-CoV-2 en nuevas especies con posibilidades de evolucionar o recombinarse con otros virus, incluso modificando su patogenicidad. Cabe destacar que el potencial establecimiento de nuevos reservorios animales del virus podría, no solo obstaculizar severamente las estrategias de control de la pandemia, sino también generar nuevos conflictos entre los humanos y la fauna silvestre, que redundarían en nuevas amenazas para la conservación de la biodiversidad.

Considerando la elevada transmisibilidad del SARS-CoV-2, el creciente número de personas infectadas con el virus en todo el mundo, un 80% de los cuales pueden ser asintomáticos; y teniendo en cuenta que incluso las personas sintomáticas ya son infecciosas días antes del inicio de los síntomas, el entorno conservacionista hoy apunta a considerar rigurosamente las medidas de precaución para evitar el contacto con la fauna

na silvestre, especialmente con especies susceptibles. A nivel internacional, el Servicio de Pesca y Vida Silvestre de los Estados Unidos y el Grupo de Especialistas en Murciélagos de la Comisión de Supervivencia de Especies de la UICN han recomendado suspender todo el trabajo de campo que implique interacciones directas con los murciélagos. El Consorcio de Salud de los Grandes Simios insta a cancelar todo el turismo de simios y reducir la investigación de campo. Las organizaciones de veterinarios del zoológico recomiendan estrictas medidas de protección personal para evitar infectar a los animales, las que están plasmadas en documentos elaborados por EAZA great Ape TAG Vet, AZA / ZAHF y el Grupo de Especialistas en Salud de Vida Silvestre y el Grupo de Especialistas en Primates, ambos de la UICN. En muchos países, incluso en la Argentina, se lleva a cabo la vigilancia activa del SARS-CoV-2 en mascotas, incluidos gatos, perros y otros pequeños mamíferos, que tuvieron contacto con personas infectadas, examinando a los animales para detectar la infección y desarrollo de anticuerpos.

El abordaje integral de esta problemática a través de un enfoque integrado como el de “Una Salud”, considerando las múltiples interrelaciones entre especies animales, incluidos los humanos, en un contexto ambiental, se vislumbra como el único camino hacia estrategias sólidas en pos de la salud global. ■ ■ ■ ■

Por M. Marcela Orozco

IEGEB - CONICET  
FCEyN - UBA

## SOBRE LOS PROTAGONISTAS

Orthornavirae - Coronaviridae -  
Orthocoronavirinae - Betacoro-  
navirus - SARS-CoV-2

Fungi - Dothideomycetes - Pseu-  
deurotiaceae - *Pseudogymno-  
ascus destructans*.

Mammalia - Carnivora - Musteli-  
dae - *Neovison vison*.

Mammalia - Carnivora - Viverridae - *Paguma larvata*.

Mammalia - Chiroptera - Rhino-  
lophidae - *Rhinolophus affinis*.

Mammalia - Pholidota - Manidae - *Manis javanica*.

## LECTURAS SUGERIDAS

- AZA Felid TAG Veterinary Advisors Statement Re: Cats and SARS-CoV-2. En <https://zahp.aza.org/wp-content/uploads/2020/04/AZA-Felid-TAG-Veterinary-Advisors-Statement-Re.pdf>
- AZA Bat TAG Veterinary Advisors. Coronavirus Disease (COVID-19) and Bats in Human Care: Considerations from the AZA Bat TAG Veterinary Advisors. En <https://zahp.aza.org/wp-content/uploads/2020/04/Coronavirus-Disease-COVID-19-and-Bats-in-Human-Care-Considerations-from-the-AZA-Bat-TAG-Veterinary-Advisors.pdf>
- Damas, J., Hughes, G. M., Keough, K. C., Painter, C. A., Persky, N. S., Corbo, M., et al. 2020. Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 117, 36: 22311-22322.
- Daszak, P., Cunningham, A. A. y Hyatt, A. D. 2001. Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife. Acta Tropica, 78,2: 103-116.
- European Association of Zoo and Wildlife Veterinarians - Transmissible Diseases Handbook. UPDATED 8/19/2020 Science-based Facts and Knowledge about Wild Animals, Zoos, and SARS-COV-2. En [https://cdn.ymaws.com/www.eazwv.org/resource/resmgr/files/transmissible\\_diseases\\_handbook/5th\\_ed\\_transmissible\\_diseases\\_handbook/chapters/covid19\\_faq\\_v7\\_19\\_august\\_202.pdf](https://cdn.ymaws.com/www.eazwv.org/resource/resmgr/files/transmissible_diseases_handbook/5th_ed_transmissible_diseases_handbook/chapters/covid19_faq_v7_19_august_202.pdf)
- Gryseels, S., De Bruyn, L., Gyselings, R., Bastien Calvignac-Spencer, S., Leendertz, F. H. y Leirs, H. 2020. Risk of Human-to-Wildlife Transmission of SARS-CoV-2 (Preprint) <https://doi.org/10.20944/preprints202005.0141.v1>
- Hu, B., Zeng, L. P., Yang, X. Lou, Ge, X. Y., Zhang, W., Li, B., et al. 2017. Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. PLoS Pathogens, 13, 11:1-27.
- Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L. y Daszak, P. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. Nature, 451,7181: 990-993.
- Kelly, T. R., Karesh, W. B., Johnson, C. K., Gilardi, K. V. K., Anthony, S. J., Goldstein, T., et al. 2017. One Health proof of concept: Bringing a transdisciplinary approach to surveillance for zoonotic viruses at the human-wild animal interface. Preventive Veterinary Medicine, 137: 112-118.
- Kim, Y. Il, Kim, S. G., Kim, S. M., Kim, E. H., Park, S. J., Yu, K. M., et al., 2020. Infection and rapid transmission of SARS-CoV-2 in ferrets. Cell Host and Microbe, 1-6.
- Lam, T. T. Y., Jia, N., Zhang, Y. W., Shum, M. H. H., Jiang, J. F., Zhu, H. C., et al., (2020). Identifying SARS-CoV-2-related coronaviruses in Malayan pangolins. Nature, 583,7815: 282-285.
- Lee, J., Hughes, T., Lee, M. H., Field, H., Rovie-Ryan, J. J., Sitam, F. T., et al., (2020). No Evidence of Coronaviruses or Other Potentially Zoonotic Viruses in Sunda pangolins (*Manis javanica*) Entering the Wildlife Trade via Malaysia. EcoHealth, 17: 406-418.
- OIE /IUCN. 2020. Directrices para el trabajo con mamíferos silvestres de vida libre en la era de la pandemia por COVID-19. En [http://www.iucn-whsg.org/sites/default/files/Es\\_WHSG%20y%20OIE%20COVID-19%20Directrices.pdf](http://www.iucn-whsg.org/sites/default/files/Es_WHSG%20y%20OIE%20COVID-19%20Directrices.pdf)
- OIE. 2020. SARS COV 2, Argentina. Immediate notification (Final report) [https://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page\\_refer=MapFullEventReport&reportid=36560](https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&reportid=36560)
- Olival, K. J., Hosseini, P. R., Zambrana-Torrel, C., Ross, N., Bogich, T. L. y Daszak, P. 2017. Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals. Nature, 546, 7660: 646-650.
- Oreshkova, N., Molenaar, R. J., Vreman, S., Harders, F., Oude Munnink, B. B., Hakze-van der Honing, R. W., et al. 2020. SARS-CoV-2 infection in farmed minks, the Netherlands, April and May 2020. Eurosurveillance, 25, 23: 2001005.
- Osterhaus, A. D., Vanlangendonck, C., Barbeschi, M., Bruschke, C. J. M., Christensen, R., Daszak, P., et al., 2020. Make science evolve into a One Health approach to improve health and security: a white paper. One Health Outlook, 2,1.
- Plowright, R. K., Parrish, C. R., Mccallum, H., Hudson, P. J., Ko, A. I., Graham, A. L. y Lloyd-Smith, J. O. 2017. Pathways to zoonotic spillover HHS Public Access. Nat Rev Microbiol, 15,8: 502-510.
- Promed. International Society for Infectious Diseases. <https://promedmail.org/coronavirus/>
- Relcom (Red Latinoamericana y del Caribe para la Conservación de los Murciélagos). En <https://relcomlatinoamerica.net/component/content/article/36-relcom/novedades/70-zoonoticas.html?Itemid=101>
- Schountz, T., Baker, M. L., Butler, J. y Munster, V. 2017. Immunological control of viral infections in bats and the emergence of viruses highly pathogenic to humans. Frontiers in Immunology, 8:1098.
- Shi, J., Wen, Z., Zhong, G., Yang, H., Wang, C., Huang, B., et al., 2020. Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS-coronavirus 2. Science, 7015, eabb7015.
- Sohrabi, C., Alsafi, Z., O'Neill, N., Khan, M., Kerwan, A., Al-Jabir, A., et al., 2020. World Health Organization declares global emergency: A review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19). International Journal of Surgery, 76: 71-76.
- UICN CSE Grupo de Especialistas en Salud de Vida Silvestre / Grupo de Especialistas en Primates, Sección sobre Grandes Simios. 2020. Grandes Simios, COVID-19 y el SARS CoV-2. En [http://static1.1.sqspcdn.com/static/f/1200343/28284036/1586798435367/Espanol+Final++SARS+CoV-2.pdf?token=R\\_V70prEGlq32PqkCG7Nwfyx%2FWbk%3DWolfe,N.D.,Daszak,P.,Kilpatrick,A.M.yBurke,D.S.2005.Bushmeathunting,deforestation,andpredictionofzoonoticdiseaseemergence.EmergingInfectiousDiseases,11:1822-1827](http://static1.1.sqspcdn.com/static/f/1200343/28284036/1586798435367/Espanol+Final++SARS+CoV-2.pdf?token=R_V70prEGlq32PqkCG7Nwfyx%2FWbk%3DWolfe,N.D.,Daszak,P.,Kilpatrick,A.M.yBurke,D.S.2005.Bushmeathunting,deforestation,andpredictionofzoonoticdiseaseemergence.EmergingInfectiousDiseases,11:1822-1827)
- Yang, Y., Peng, F., Wang, R., Guan, K., Jiang, T., Xu, G., et al., 2020. The deadly coronaviruses: The 2003 SARS pandemic and the 2020 novel coronavirus epidemic in China. Journal of Autoimmunity, 109: 102434.
- ZAHF Considerations for the Management of Non-Domestic Species in Human Care During COVID-19. En <https://zahp.aza.org/covid-19-animal-care/>
- Zhang, Q., Zhang, H., Huang, K., Yang, Y., Hui, X., Gao, J., et al., 2020. SARS-CoV-2 neutralizing serum antibodies in cats: a serological investigation. BioRxiv, 2020.04.01.021196.