



INFECÇÃO POR SARS-CoV-2 EM ANIMAIS DE COMPANHIA E SILVESTRES

João Victor Oliveira Miranda^{1*}, Samella Priscilla Reis¹, Barbara Laterza Cerqueira¹, Andrezza Abreu Rocha¹, Daniel Costa Queiroz², Anisleidy Pérez Castillo³ e Renato Santana de Aguiar⁴.

¹Discente no Curso de Medicina Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil – *Contato: jvmirandaoliveira76@gmail.com

²Discente no Programa de Pós-Graduação em Genética – Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil

³Discente no Programa de Pós-Graduação em Parasitologia – Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil

⁴Docente do Curso de Medicina Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil

INTRODUÇÃO

A pandemia de SARS-CoV-2 durou três anos e causou milhões de infecções e mortes em humanos^{2,8}. Embora a origem da infecção por SARS-CoV-2 em humanos ainda não tenha sido completamente elucidada, infecções em animais têm sido relatadas com frequência ao redor do mundo até hoje^{13,16}. Tanto infecções experimentais quanto naturais em diferentes espécies animais fornecem informações valiosas sobre a variedade de hospedeiros virais e a patogenicidade do vírus¹⁷. Dados recentes revelam que pelo menos 29 espécies animais testaram positivo para o SARS-CoV-2¹³, incluindo animais de estimação, de cativeiro e selvagens^{4,7,10,12}. Todas as variantes de preocupação foram identificadas nas espécies pesquisadas, não apenas em momentos em que estavam circulando em humanos, mas também em períodos sem circulação ativa entre humanos^{2,11}. Isso sugere a existência de reservatórios animais de SARS-CoV-2, nos quais o vírus pode se multiplicar ou persistir por longos períodos, aumentando o potencial de retransmissão para humanos^{1,10,11,12,14}. Eventos de transmissão entre humanos e animais, entre animais, e de animais para humanos foram identificados em diferentes surtos de infecção animal por SARS-CoV-2 (Fig.1). Monitorar possíveis reservatórios animais é crucial para identificar novas variantes de interesse e antecipar potenciais surtos, contribuindo para o controle e prevenção da doença.

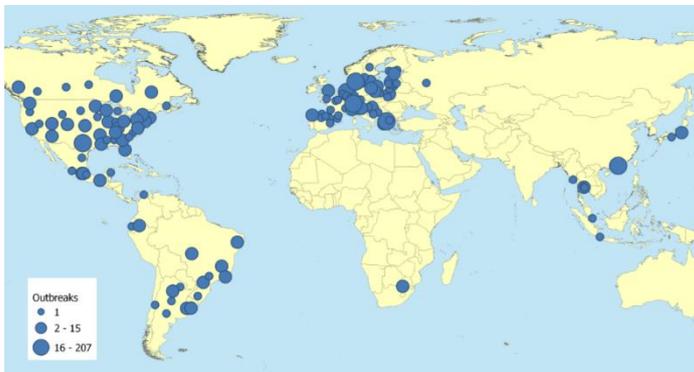


Figura 1: Surtos de SARS-CoV-2 em animais relatados desde março de 2020 (Fonte: WOA, 2024)

METODOLOGIA

A revisão bibliográfica baseou-se em artigos científicos indexados nos bancos de dados Pubmed e Pubvet. Foram considerados artigos publicados entre 2020 e 2024, com os descritores relacionados a SARS-CoV-2: animais silvestres, animais de estimação, mutações, vigilância genômica, hospedeiro e epidemiologia.

RESUMO DE TEMA

Agente etiológico

O SARS-CoV-2 é o coronavírus causador da COVID-19 em humanos^{9,14}. Pertence à família Coronaviridae e tem um genoma de RNA de fita simples e sentido positivo. O genoma viral codifica quatro proteínas estruturais, sendo elas a proteína do nucleocapsídeo (N), proteína de membrana (M), proteína do envelope (E) e, a que mais se destaca, a proteína spike (S), que faz a ligação entre o vírus e as células hospedeiras¹⁶ (Fig. 2). O SARS-CoV-2 infecta primordialmente as vias aéreas de seus hospedeiros e se espalha principalmente através de gotículas respiratórias^{2,5}. Assim como outros coronavírus têm facilidade de romper a barreira interespecie, o que permite sua transmissão entre diferentes animais.

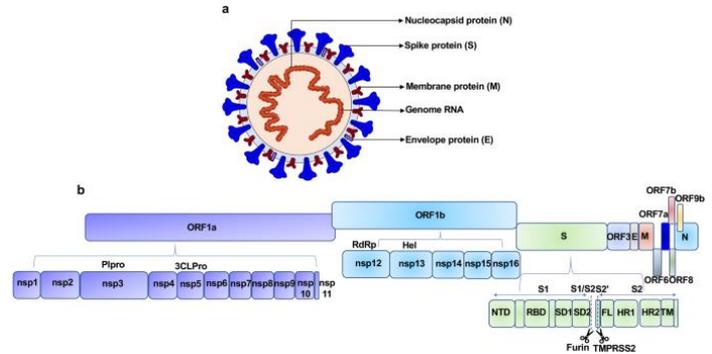


Figura 2: Genoma e proteínas estruturais do Sars-CoV-2 (Zhang et al., 2021)

As altas taxas de replicação do SARS-CoV-2 fazem com que este apresente também altas taxas de mutação^{2,15}, responsáveis pelo surgimento das diferentes variantes e subvariantes dos vírus que circularam e permanecem circulando^{2,8,9,15}. Além das altas taxas de mutação, os diferentes desafios imunológicos apresentados ao vírus durante infecções de diferentes hospedeiros podem atuar como pressão seletiva para o estabelecimento de novas mutações e consequente aparecimento de novas variantes virais^{10,11,12,14}. O surgimento de novas variantes é de grande importância uma vez que estas podem apresentar diferenças em relação à transmissibilidade, sintomatologia, sensibilidade à imunidade vacinal e patogenicidade.

Vigilância epidemiológica e genômica

A testagem em larga escala de SARS-CoV-2 foi essencial para monitorar a circulação do vírus na população durante a pandemia de COVID-19^{2,8}. À medida que os países implementam abordagens mais rotineiras de monitoramento, os sistemas de vigilância estão sendo adaptados e combinados com outros vírus respiratórios para oferecer uma visão integrada da propagação e intensidade da transmissão do SARS-CoV-2^{2,14}. Esses sistemas devem orientar medidas de controle e mitigar o impacto da COVID-19, além de identificar novas variantes e eventos relevantes. A integração do SARS-CoV-2 nos quadros de vigilância existentes, como os da gripe, é incentivada, aproveitando os sistemas de vigilância sentinela já estabelecidos em cuidados primários e secundários. A vigilância genômica desempenha um papel crucial ao monitorar a circulação, evolução e dominância de variantes conhecidas e emergentes, informando decisões sobre vacinas, análises de surtos e a identificação precoce de novas variantes do SARS-CoV-2. Além disso, a vigilância deve incluir a análise de vírus de origem animal para compreender sua relação com os vírus que circulam nos seres humanos, adotando uma abordagem de saúde única (Fig. 3).

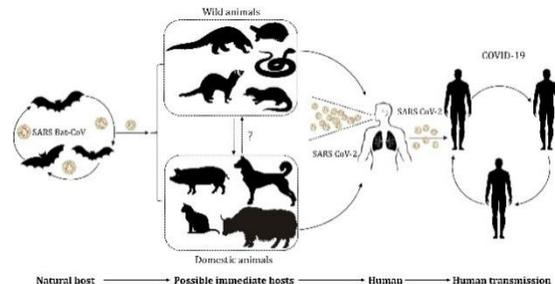


Figura 3: Potenciais reservatórios e rotas de transmissão do SARS-CoV-2 (Fonte: Zhao et al., 2020)

XIII Colóquio Técnico Científico de Saúde Única, Ciências Agrárias e Meio Ambiente



Animais de companhia

A infecção por SARS-CoV-2 em animais pode ser assintomática ou apresentar sintomas leves, como sinais respiratórios e gastrointestinais, a graves, como pneumonia e até óbito^{2,6}. Dois meses após o início da pandemia de COVID-19, o vírus foi identificado em cães de famílias cujos donos haviam testado positivo em Hong Kong¹. Em março de 2020, o primeiro caso de um gato doméstico infectado por SARS-CoV-2 foi relatado na Bélgica⁵, com provável contaminação através de seu dono que havia testado positivo. A proximidade entre seres humanos e seus animais de estimação, especialmente cães e gatos, facilita a transmissão do vírus entre espécies³, ressaltando a importância da vigilância e do cuidado com a saúde de humanos e animais.

Foram identificadas variantes do SARS-CoV-2 em cães e gatos em quatro das cinco regiões do Brasil⁷, com semelhanças genéticas às que circulavam em humanos na mesma época, especialmente as variantes Gamma e Zeta. Isso sugere que a transmissão de humanos para animais domésticos, é uma ocorrência comum e contínua. No entanto, gatos parecem ter um papel menor na transmissão do SARS-CoV-2 para os humanos, devido à baixa circulação viral e rápida eliminação do vírus^{2,3,6}. O período de eliminação viral, observado em cerca de cinco dias, corrobora com descobertas anteriores feitas na Espanha¹⁸.

Em gatos do Parque Municipal Américo Renné Giannetti (PqMARG), em Belo Horizonte, foi detectada a presença de RNA do SARS-CoV-2, classificada como variante Delta, antes do primeiro relato dessa variante no estado em maio de 2021 (sendo detectada em humanos apenas em julho de 2021)⁴. Os genomas sequenciados se agruparam com outros genomas de SARS-CoV-2 provenientes de gatos e humanos, reforçando a ideia de transmissão local de cepas virais entre animais que coabitam o mesmo parque.

Animais silvestres e de cativeiro

Reservatórios de vírus em vida selvagem podem facilitar a evolução de variantes virais capazes de infectar humanos^{2,10,19}. Na América do Norte, há evidências de transmissão contínua do coronavírus SARS-CoV-2 de humanos para veados de cauda branca^{10,11}. Em 2021, uma linhagem altamente divergente do SARS-CoV-2 foi identificada em veados de cauda branca no Canadá¹⁰ (B.1.641), indicando uma possível evolução sustentada do vírus nessa espécie, com transmissão entre os animais e de humanos para veados.

Em Ohio, nos EUA, foi detectada a presença da variante Alfa em veados de cauda branca em março de 2022, transmitida de humanos para veados¹¹. Observou-se que o SARS-CoV-2 estava evoluindo mais rapidamente nos veados do que nos humanos, cerca de três vezes mais para as variantes Alfa e Delta. Isso demonstra a flexibilidade do SARS-CoV-2 em infectar novas espécies sem uma evolução adaptativa extensa ou mudanças fenotípicas aparentes.

No final de 2021, o Zoológico de Rotterdam registrou um surto da variante delta, que infectou simultaneamente gorilas e leões¹⁹. Os tratadores que testaram positivo para o vírus foram apontados como a fonte mais provável da infecção. Dados genômicos confirmaram a transmissão entre humanos e animais. O surto evidenciou os desafios para evitar a propagação do vírus entre espécies.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A vigilância genômica de SARS-CoV-2 já se provou uma ferramenta eficiente para o monitoramento do surgimento e dispersão de variantes pelo globo^{2,4,10,11,13}. Apesar de alguns esforços terem sido realizados no monitoramento do vírus infectando animais não humanos, a intensificação deste tipo de monitoramento é fundamental para o controle do possível surgimento de novas variantes^{2,3,5,9,11}. Eventos como este são extremamente preocupantes tanto para a saúde humana quanto para a saúde de nossos animais de companhia, para os animais de produção e para animais silvestres livres e em cativeiro, uma vez que estes podem ter seu status de conservação colocado em risco por um vírus tão transmissível quanto o SARS-CoV-2.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Sit, Thomas H C et al. **Infection of dogs with SARS-CoV-2**. Nature vol. 586, 776-778, May 2020.
2. EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. **SARS-CoV-2 in animals: susceptibility of animal species, risk for animal and public health, monitoring, prevention and control**. EFSA journal. European Food Safety Authority, vol. 21,2 e07822, Feb 2023.
3. Kannekens-Jager MM, de Rooij MMT, de Groot Y, et al. **SARS-CoV-2 infection in dogs and cats is associated with contact to COVID-19-positive household members**. Transbound Emerg Dis. ;69(6):4034-4040, Nov 2022.
4. Castillo AP, Miranda JVO, Fonseca PLC, et al. **Evidence of SARS-CoV-2 infection and co-infections in stray cats in Brazil**. Acta Trop. vol. 249:107056, Jan 2024.
5. Garigliany M, Van Laere AS, Clercx C, et al. **SARS-CoV-2 Natural Transmission from Human to Cat, Belgium**. Emerg Infect Dis. Vol. 26(12):3069-3071, March 2020.
6. Natale A, Mazzotta E, Mason N, et al. **SARS-Cov-2 Natural Infection in a Symptomatic Cat: Diagnostic, Clinical and Medical Management in a One Health Vision**. Animals (Basel), Vol. 11(6):1640, Jun 2021.
7. Galhardo JA, Barbosa DS, Kmetiuk LB, et al. **Molecular detection and characterization of SARS-CoV-2 in cats and dogs of positive owners during the first COVID-19 wave in Brazil**. Sci Rep. Vol. 13(1):14418, Sep 2023.
8. SeyedAlinaghi S, Mirzapour P, Dadras O, et al. **Characterization of SARS-CoV-2 different variants and related morbidity and mortality: a systematic review**. Eur J Med Res. Vol. 26(1):51, Jun 2021.
9. Hu B, Guo H, Zhou P, Shi ZL. **Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19**. Nat Rev Microbiol. Vol. 19(3):141-154, March 2021.
10. Pickering B, Lung O, Maguire F, et al. **Divergent SARS-CoV-2 variant emerges in white-tailed deer with deer-to-human transmission**. Nat Microbiol. Vol. 7(12):2011-2024, Dec 2022.
11. McBride D, Garushyants S, Franks J, et al. **Accelerated evolution of SARS-CoV-2 in free-ranging white-tailed deer**. Nat Commun. Vol. 14:5105, Aug 2023.
12. Tan CCS, Lam SD, Richard D, et al. **Transmission of SARS-CoV-2 from humans to animals and potential host adaptation**. Nat Commun. Vol. 13(1):2988, May 2022.
13. World Organisation for Animal Health. **SARS-CoV-2 in Animals - Situation Report 22**. <https://www.woah.org/app/uploads/2023/07/sars-cov-2-situation-report-22.pdf> (2023). Acesso em 16 de abril de 2024.
14. Markov PV, Ghafari M, Beer M, et al. **The evolution of SARS-CoV-2**. Nat Rev Microbiol. Vol. 21(6):361-379, April 2023.
15. Zhao J, Cui W, Tian BP. **The Potential Intermediate Hosts for SARS-CoV-2**. Front Microbiol. Vol. 11:580137, Sep 2020.
16. Zhang Q, Xiang R, Huo S, et al. **Molecular mechanism of interaction between SARS-CoV-2 and host cells and interventional therapy**. Signal Transduct Target Ther. Vol. 6(1):233, Jun 2021.
17. Bosco-Lauth AM, Hartwig AE, Porter SM, et al. **Experimental infection of domestic dogs and cats with SARS-CoV-2: Pathogenesis, transmission, and response to reexposure in cats**. Proc Natl Acad Sci U S A. Vol. 117(42):26382-26388, Oct 2020.
18. Barroso-Arévalo S, Sánchez-Morales L, Barasona JA, Domínguez L, Sánchez-Vizcaíno JM. **SARS-CoV-2 Seroprevalence Studies in Pets, Spain**. Emerg Infect Dis. Vol. 29(6):1136-1142, Jun 2023.
19. Dusseldorp F, Bruins-van-Sonsbeek LGR, Buskermolen M, et al. **SARS-CoV-2 in lions, gorillas and zookeepers in the Rotterdam Zoo, the Netherlands, a One Health investigation, November 2021**. Euro Surveill. Vol.1 ;28(28):2200741, Jul 2023.

APOIO:

