

INFECÇÃO POR SARS-CoV-2 EM ANIMAIS SILVESTRES

Sara Rocha de Oliveira^{1*}, Luiz Filipe Moreira Pereira² e Virgínia Beatriz D'Assunção Castro².

¹Discente no Curso de Medicina Veterinária – Escola de Veterinária da UFMG - UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil – *Contato: saraoliveira.ufmg@gmail.com

²Discente no Curso de Medicina Veterinária – Escola de Veterinária da UFMG - UFMG – Belo Horizonte/MG – Brasil

INTRODUÇÃO

Sabe-se que os coronavírus (CoVs) evoluem através de recombinações e mutações pontuais, uma vez que o grande RNA viral do seu genoma, aliado à baixa fidelidade da RNA-Polimerase Dependente de RNA (RdRp ou nsp12), permite a ocorrência de mutações espontâneas durante a replicação do vírus, embora em taxas mais baixas do que outros vírus de RNA¹. Assim, a recombinação do genoma do vírus é um caminho importante para a evolução de CoVs, conferindo eficiência na capacidade de transmissão intra e interespecífica ou até maior virulência¹.

Além de compreender a forma de evolução do vírus, é indispensável discutir as possíveis formas de permanência dele no meio. Assim, a identificação de reservatórios de patógenos zoonóticos tem um papel de fundamental importância no controle de doenças (principalmente quando o caráter zoonótico predispõe à recorrência da doença)¹, visto à contribuição dos reservatórios na manutenção do patógeno naquele ambiente. Embora não possamos saber a exata via de transmissão do SARS-CoV-2, é aceito que o vírus tenha origem animal, sendo ainda necessário identificar com precisão os reservatórios animais¹.

Esse estudo busca abordar casos de infecção por coronavírus em animais, a manifestação do processo patológico e o potencial de transmissão do SARS-CoV-2 entre humanos e animais. A revisão tem como enfoque as infecções de animais de zoológico, os quais, representando a fauna silvestre de diversas localidades, podem direcionar para a identificação de hospedeiros e reservatórios.

MATERIAL

Para a confecção deste estudo, foram feitas pesquisas bibliográficas nas principais plataformas de pesquisa, como Google Scholar, Scientific Electronic Library Online (SciELO), Periódicos Capes e Pubmed. Foram estudados artigos científicos escritos na língua inglesa, tendo como foco discussões sobre as formas de adaptação do vírus, relatos de casos em animais silvestres e experimentos sobre a infecção de animais, com a finalidade de entender sobre as possíveis relações entre hospedeiros humanos e não humanos e respaldar este trabalho.

RESUMO DE TEMA

Desde abril de 2020, diversos casos de infecções por SARS-CoV-2 foram reportados em animais de zoológico, sendo identificados os carnívoros e primatas como os grupos taxonômicos mais sensíveis à infecção, com destaque para os grandes felídeos e visons².

A partir do monitoramento de visons (*Neovison vison*) em fazendas, percebeu-se a ocorrência de surtos, com a manifestação de quadros sintomáticos mais graves, resultando na necessidade do abate de diversos animais^{2,3}. Constatou-se que a infecção era possível a partir da transmissão de humanos para os animais e também entre os próprios visons³. Além disso, em um caso monitorado, foi notada a transmissão dos mamíferos não humanos para um humano³, o que alerta para a viabilidade dessa forma de transmissão e revela o quão fundamental é entender como o SARS-CoV-2 circula entre diferentes espécies.

No início da epidemia de COVID-19 na cidade de Nova York, Estados Unidos, foi identificado e relatado o primeiro surto de SARS-CoV-2 em zoológico, que ocorreu no Zoológico do Bronx, afetando tigres (*Panthera tigris*) e leões (*Panthera leo*)^{2,4}. Ao contrário das infecções relatadas em gatos domésticos, majoritariamente assintomáticos, tigres e leões apresentaram sinais clínicos respiratórios superiores, de leves a moderados (caracterizados por tosse e chiado no peito), com duração de até 16 dias^{2,4}. Além disso, os animais apresentaram diminuição transitória do apetite ou anorexia, mas em todos a recuperação se deu de modo espontâneo^{2,4}. Análises moleculares e virológicas identificaram os tratadores dos felinos como sua principal fonte de transmissão², o que reforça a possibilidade de transmissão interespecífica.

Já em maio de 2021, nove leões asiáticos (*Panthera leo persica*) do Arignar Anna Zoological Park (Índia) foram infectados com a variante

Delta do SARS-CoV-2 (linhagem pango B.1.617.2)². Nesse caso, nenhum dos cuidadores envolvidos no tratamento desses animais era positivo para COVID-19, o que impediu a determinação da fonte de infecção, mas os vírus sequenciados correspondiam às variantes em circulação na população humana da Índia na época², o que novamente sugere a transmissão de coronavírus de humanos para animais.

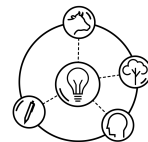
Ainda em 2021, em novembro, no Zoológico de Antuérpia, na Bélgica, duas fêmeas adultas de hipopótamos (*Hippopotamus amphibius*) foram infectadas com SARS-CoV-2⁵. Os sintomas manifestados consistiram na presença de secreção nasal mucopurulenta bilateral, que durou por alguns dias. Devido a presença incomum da secreção, foram realizados testes, começando pelo bacteriológico, cujo resultado foi negativo para bactérias patogênicas⁵. Então, a PCR foi realizada para descartar a possibilidade de SARS-CoV-2, mas o vírus foi detectado por PCR e imunocitoquímica em amostras de esfregaço nasal e por PCR em fezes e água de piscina e sorologia também foi positiva. Os animais estavam isolados nesse período devido ao clima frio, o que dificulta a determinação da forma de infecção⁵. Entretanto, a variante Delta que foi detectada estava em circulação na época e a diferença genética do vírus encontrado nos hipopótamos com relação ao humano era mínima, o que fortalece a possibilidade de transmissão a partir de humanos, visto que os hipopótamos também não tiveram contato com outros animais. Não foram desenvolvidos quadros graves e não houve necessidade de tratamento⁵.

É sabido que os morcegos eram o reservatório do SARS-CoV (2003–2004) e de diversos CoVs relacionados à SARS (SARS-CoVs), o que torna mais provável que eles ainda sejam o atual reservatório potencial para SARS-CoV-2. Os morcegos tiveram sua origem há quase 64 milhões de anos atrás, um período longo que pode ter permitido uma co-evolução entre a ordem Chiroptera e diferentes espécies de vírus. Esse fenômeno pode também ter favorecido o desenvolvimento de uma correlação entre a ecologia dos morcegos e a diversidade dos coronavírus. Além disso, o longo processo de co-evolução pode ter contribuído para a constituição de um vasto conjunto de vírus com grandes oportunidades de mistura entre espécies, o que tem favorecido o desenvolvimento de variantes com capacidade de infectar uma vasta gama de hospedeiros⁶.

No entanto, o envolvimento de outros hospedeiros intermediários, como os pangolins, como um canal plausível na transmissão do SARS-CoV-2 aos humanos não pode ser excluído⁷. Estudos recentes descobriram que os pangolins malaios (*Manis javanica*) são frequentemente infectados com CoVs, identificando o vírus nos pulmões, intestino e/ou sangue de pangolins amostrados em 2017–2018⁷. A análise da sequência indicou que os pangolim-CoVs pertenciam a duas linhagens diferentes e uma linhagem compartilhou 97,4% de identidade de aminoácidos com SARS-CoV-2. Portanto, os pangolins são considerados um potencial hospedeiro intermediário para SARS-CoV-2^{1,7}.

Ademais, há indícios de que veados-da-cauda-branca (*Odocoileus virginianus*) em vida livre nos Estados Unidos possam ser um reservatório para o SARS-CoV-2 após várias introduções do vírus no meio por humanos. Contudo, ainda é desconhecido se eles desenvolvem a doença e se há ou não manifestação de sinais clínicos^{4,8}. A fim de testar a hipótese de que o SARS-CoV-2 poderia estar circulando em cervos, foram testadas 283 amostras de linfonodos retrofaringeos coletadas de 151 cervos de vida livre e 132 em cativeiro em Iowa, nos Estados Unidos, de abril de 2020 a dezembro de 2020, para a presença de RNA de SARS-CoV-2. O RNA foi encontrado em um terço das amostras dos veados-da-cauda-branca entre setembro de 2020 e janeiro de 2021⁸. Essa descoberta a respeito da transmissão silvestre e enzoótica do SARS-CoV-2 em cervos tem implicações importantes para a ecologia e a persistência a longo prazo do vírus no ambiente, bem como com relação ao potencial de propagação para outros animais e repercussão em humanos⁸.

CONSIDERAÇÕES FINAIS



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

A partir do relatado nos artigos apresentados, percebe-se que o SARS-CoV-2 pode ser transmitido tanto de humanos para não humanos, quanto no sentido contrário.

Ademais, foi notado que alguns animais acometidos pelo vírus apresentam sinais clínicos semelhantes aos dos humanos, como o caso dos tigres e leões do Zoológico do Bronx, que manifestaram tosse e chiados no peito, revelando o comprometimento do sistema respiratório, e os hipopótamos, que manifestaram sintomas mais leves, como a secreção nasal.

Ainda é pontuada a possibilidade de um reservatório além dos morcegos, composto pelos pangolins e veados-da-cauda-branca, o que deve ser alvo de estudos mais aprofundados, tanto para averiguar o perigo representado para humanos quanto para animais.

Dessa forma, é imprescindível que sejam realizadas pesquisas a fim de determinar as espécies mais suscetíveis, melhorar o esclarecimento das formas de transmissão interespecíficas, investigar outros possíveis reservatórios e definir as formas de controle mais adequadas da circulação do SARS-CoV-2, com o objetivo de evitar novas epidemias e pandemias da doença, seja entre humanos, animais ou ambos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 1- AHMED, S. et al. **Evidence for SARS-CoV-2 Infection of Animal Hosts.** Pathogens 2020, 9, 529.
- 2- FERNÁNDEZ-BELLON, H. et al. **Monitoring Natural SARS-CoV-2 Infection in Lions (*Panthera leo*) at the Barcelona Zoo: Viral Dynamics and Host Responses.** Viruses 2021, 13, 1683.
- 3- MUNNINK, O. et al. **Transmission of SARS-CoV-2 on mink farms between humans and mink and back to humans.** Science 2021, 371, 172–177
- 4- BARTLETT, S.L et al. **Sars-Cov-2 Infection and Longitudinal Fecal Screening in Malayan tigers (*Panthera tigris jacksoni*), Amur tigers (*Panthera tigris altaica*), and African lions (*Panthera leo krugeri*) at the Bronx Zoo, New York, USA.** J. Zoo Wildl. Med. 2021, 51, 733–744.
- 5- VERCAMMEN, F. et al. **SARS-CoV-2 Infection in Captive Hippos (*Hippopotamus amphibius*), Belgium.** Animals 2023, 13, 316.
- 6 - PLATTO, S et al. **Biodiversity loss and COVID-19 pandemic: The role of bats in the origin and the spreading of the disease.** Biochemical and Biophysical Research Communications (BBRC). Volume 538, 29 January 2021, Pages 2-13
- 7- BONI, M.F. et al. **Evolutionary origins of the SARS-CoV-2 sarbecovirus lineage responsible for the COVID-19 pandemic.** bioRxiv 2020.
- 8- KUCHIPUDIA, S.V. et al. **Multiple spillovers from humans and onward transmission of SARS-CoV-2 in white-tailed deer.** Proc. Natl. Acad. Sci. USA 2022, 119, e2121644119.