

CAPÍTULO 7

Riesgo zoonótico por Coronavirus

Cómo citar:

Martínez C., Botero Y.; López Y., Lozano M., Alemán A., et al. Riesgo zoonótico por Coronavirus. En: Máttar S., Gastelbondo-Pastrana B., editores. Lecciones aprendidas del COVID-19: Una mirada interdisciplinaria. Sincelejo (Colombia): Editorial CECAR, 2023. p. 147-167. DOI: <https://doi.org/10.21892/9786287515376.7>

Riesgo zoonótico por Coronavirus

Caty Martínez; Yésica Botero; Yésica López; Monica Lozano;
Ader Alemán; Camilo Guzmán; Alfonso Calderón

Introducción

Se estima que entre el 60 y el 75% de las enfermedades infecciosas emergentes están compuestas por enfermedades zoonóticas; de estos, más del 70% se han originado en especies de vida silvestre (1).

Los coronavirus (CoV), son considerados patógenos emergentes, causantes de infecciones en animales y humanos, están asociados a síndromes intestinales, respiratorios y neurológicos de gravedad variable (2) occasionally centred on degenerated neutrophils and surrounded by a broad rim of plasma cells, features consistent with pyogranulomatous meningitis. The histopathological features in this ferret were similar to those in cats with feline infectious peritonitis. Definitive diagnosis was assessed by immunohistochemistry, confirming a ferret systemic coronavirus (FSCV).

La familia Coronaviridae tiene cuatro géneros Gamma-coronavirus (γ CoV) y Delta-coronavirus (δ CoV), los cuales causan enfermedades en las aves, Alfa-coronavirus (α CoV) y Beta-coronavirus (β CoV), se encuentran principalmente en mamíferos como murciélagos, roedores, civetas, cerdos, caballos, ganado vacuno y seres humanos. Los virus que han causado alertas en las poblaciones humanas SARS-CoV-2, SARS-CoV y MERS-CoV hacen parte del linaje β CoV (1).

Esta familia viral muestra un marcado tropismo por las células epiteliales de los tractos respiratorio y entérico. Por lo general, tienen un rango de huéspedes restringido, infectando a su huésped natural y especies animales estrechamente relacionadas, sin embargo, tienen la capacidad de cruzar la barrera de especies (3).

Los coronavirus en los humanos se consideraron altamente patógenos en 2002 cuando se reportó la epidemia por síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-1) en China (4), y diez años después el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV) que se originó en los países de Oriente Medio.

Enfermedades en animales causadas por Coronavirus

Los coronavirus afectan diferentes especies, la investigación ha estado dirigida a la búsqueda de los agentes causales de enfermedades en animales de producción, de compañía, animales de importancia biomédica y animales silvestres (Tabla 1).

Tabla 1. *Coronavirus Zoonóticos y sus hospederos.*

Género	Virus	Siglas	Hospedero
Alphacoronavirus α -CoV	Coronavirus humano	HCoV-229E	Humanos
	Coronavirus humano	HCoV-NL63	
	Virus de la gastroenteritis transmisible porcina	TGEV	Porcinos
	Coronavirus bovino	BCoV	Bovinos
	Coronavirus canino	CCoV	Caninos
	Coronavirus felino	FCoV	Gatos
Betacoronavirus B-CoV	Coronavirus humano	HCoV-OC43	Humanos
	Coronavirus humano	HCoV-HKU1	
	Virus encefalomiелitis hemaglutinante porcina	PHEV	Porcinos
	Coronavirus equino	ECoV	Equinos
	Virus de la hepatitis murina	MHV	Roedores
	Síndrome respiratorio agudo severo	SARS-CoV1	Civetitas
	Síndrome respiratorio de Oriente Medio	MERS-CoV	Camellos
	Síndrome respiratorio agudo severo 2	SARS-CoV2	Desconocido
Gammacoronavirus γ -CoV	Coronavirus aviáres	HKU197	Aves
	Coronavirus de la ballena Beluga	SW1	Ballena

Género	Virus	Siglas	Hospedero
Deltacoronavirus	Bronquitis infecciosa aviar	IBV	Aves
δ-CoV	Coronavirus aviare	HKU15 al HKU21	

Modificado de (25)

En el caso de los animales de producción se destaca el caso de la encefalomiелitis hemaglutinante porcina (PHEV), la cual produce vómitos y emaciación y/o encefalomiелitis (5)family Coronaviridae, sub-family Cornavirinae, and order Nidovirales. PHEV shares the same genomic organization, replication strategy, and expression of viral proteins as other nidoviruses. PHEV produces vomiting and wasting disease (VWD. Esta enfermedad se reportó en 1957 en Canadá (5), a finales de 1970 en Inglaterra y Bélgica, en 2013 se encontró en EE. UU. generando pérdidas económicas en los sistemas de producción porcícola (6). Aunque los cerdos son la única especie susceptible a infecciones naturales por PHEV, el virus mostró neurotropismo en ratones y ratas de laboratorio (5).

Los animales de compañía son seriamente afectados por enfermedades causadas por coronavirus, los gatos pueden ser afectados por el coronavirus entérico felino (FCoV), y presentar peritonitis infecciosa felina, durante una infección persistente, el virus puede ser altamente virulento y causar la muerte del felino (7).

En perros el coronavirus canino (CCoV) causa una infección entérica que se caracteriza por una alta morbilidad y una baja mortalidad, el virus se elimina en concentraciones elevadas a través de las heces y se transmite por vía fecal-oral. Se replica en el tracto gastrointestinal, infectando células epiteliales del intestino delgado (8), generando signos clínicos típicos de gastroenteritis que incluyen anorexia, emesis, deshidratación por diarrea y raramente, la muerte (9).

Los caballos se pueden infectar con el coronavirus equino (EcOV) al ingerir alimentos y agua contaminados, en estos casos los equinos presentan síntomas inespecíficos, como anorexia, letargo, fiebre, cólicos, leucopenia y diarrea (10). En Estados Unidos, Europa y Japón se han notificado varios brotes por este virus (10, 11).

En animales silvestres también se han identificado virus causantes de enfermedades mortales como es el caso del virus SW1, identificado en una ballena beluga fallecida, que mostró grandes cantidades de partículas virales en el hígado, se asume enfermedad respiratoria e insuficiencia hepática aguda (12).

En los animales de laboratorio se ha reportado el virus de la hepatitis del murina (MHV), este es el patógeno viral más común en las colonias de ratones de laboratorio, causa infecciones respiratorias, entéricas, hepáticas y neurológicas en ratones (8), está estrechamente relacionado con el SARS-CoV y es un sistema modelo establecido para el estudio de replicación y transcripción de coronavirus (13)12 of which were predicted to be expressed from a nested set of eight subgenomic mRNAs. The synthesis of these mRNAs in SARS-CoV-infected cells was confirmed experimentally. The 4382- and 7073 amino acid residue SARS-CoV replicase polyproteins are predicted to be cleaved into 16 subunits by two viral proteinases (bringing the total number of SARS-CoV proteins to 28. Existen múltiples cepas que difieren en organotropismo, virulencia y patogenicidad (14). Con el MHV se ha logrado hacer investigación sobre enfermedades del sistema nervioso central como la encefalitis y la esclerosis múltiple (15).

Coronavirus zoonóticos

Se han encontrado coronavirus en diferentes especies de vertebrados, demostrándose su capacidad de saltar entre las especies, aquí se muestran algunos que revisten importancia para la vigilancia epidemiológica.

El virus de la bronquitis infecciosa aviar (IBV) causa enfermedad del tracto respiratorio superior altamente contagiosa, se ha encontrado en pollos y otras aves como pavos reales (*Pavo sp.*) y el pato migratorio (*Anas crecca*) (16).

Afecta las superficies epiteliales del tubo digestivo, riñones, gónadas y bolsa de Fabricio (17) por lo que disminuye la producción de huevos, generando pérdidas en los sistemas de producción (18).

Se ha reportado que existen relaciones antigénicas entre el virus IBV de las aves, con el virus causante de gastroenteritis transmisible de los cerdos (TGEV). Este último, causa diarrea y gastroenteritis grave en lechones jóvenes, lo que provoca una morbi-mortalidad (18).

En aves se reportan δ -CoV, estos pueden atravesar la barrera entre especies y generar eventos epidemiológicos importantes para la salud pública (7). Los δ -CoV se han detectado en patos negros del pacífico, zarapito, rapaces de cuello rojo, turbios rojizos, garzas comunes, codornices, garzas reales, garzas de estanque, grandes cormoranes, espátulas cariblanco y varias especies de patos (19–20–21) mientras que los γ -CoV se han detectado en codornices y faisanes en Italia (22).

En un estudio publicado en 2012 se detectaron siete nuevos δ -CoV en cerdos y aves, denominados coronavirus porcino HKU15, de ojo blanco HKU16, de gorrión HKU17, de la urraca HKU18, de la garza nocturna HKU19, de wigeon HKU20 y del pollo de agua común HKU21 (23). Donde la secuenciación y el análisis filogenéticos mostró que las δ -CoV de aves y cerdos tienen características y estructuras genómicas similares (24).

Posteriormente en Brasil se pudo detectar δ -CoV en dos especies de aves terrestres silvestres, el loro pecho morado y el periquito común. Estos CoV aviares presentan relación filogenética con los CoV de garza nocturna (HKU19) y cerdos (HKU15). Por lo tanto las aves terrestres pueden actuar como huéspedes intermediarios y transmitir diferentes especies de δ -CoV a diferentes especies de animales (19).

El Coronavirus Bovino (BCoV) infecta tracto respiratorio y gastrointestinal, provocando diarrea grave en los terneros (25), se relaciona con la disentería invernal en vacas adultas y con enfermedades respiratorias (26), por lo que se considera un agente etiológico causal de grandes pérdidas económicas en los sistemas de producción de ganado vacuno.

La capacidad zoonótica del virus BCoV se ha demostrado al encontrar este mismo virus en una variedad de rumiantes, incluidos alces, ciervos y camellos (19).

Los mamíferos, que pueden ser susceptibles al SARS-CoV-2, son los gatos, perros, visones, nutrias, hurones, leones, tigres, pumas, leopardos de las nieves, gorilas, venados de cola blanca, gatos pescadores, coatíes sudamericanos, hienas manchadas, lince euroasiático, lince canadiense, hipopótamo, hámster, venado, oso hormiguero gigante, manatí antillano, tití de cola negra, mono ardilla, mandril, zorro rojo, armadillo, mono araña y mono lanudo, todos estos animales, además de enfermarse pueden llegar a transmitir el virus a otros animales susceptibles. Por otro lado, el ganado vacuno y los cerdos son pocos susceptibles a la infección y a la amplificación del SARS-CoV-2 (27), en el departamento de Córdoba, el Instituto de Investigaciones Biológicas del trópico ha sido líder en la vigilancia zoonótica de SARS-CoV-2, siendo detectado molecularmente en un gato (28), un perro (29) y en un perezoso de dos dedos (30).

Coronavirus en humanos y animales

Diferentes coronavirus se manifiestan en humanos sin evidencia alguna de tener un reservorio animal, entre ellos HCoV-229E, HCoV-OC43, HCoV-NL63 y HCoV-HKU1, usualmente, se presentan síntomas del resfriado común, sin generar mayor alarma. Sin embargo, otros 3 coronavirus tienen la capacidad para cruzar las barreras entre animales y humanos y emerger, ellos son: SARS-CoV, MERS-CoV y SARS-CoV-2; a diferencia de otros CoV infectan el tracto respiratorio inferior, produciendo infección respiratoria aguda (IRA-neumonía), shock séptico, falla multisistémica con alta tasa de letalidad (23).

Las características de estos virus se describen en la tabla 2, las investigaciones señalan que todos tienen origen en murciélagos y que SARS-CoV, que surgió en 2002 tuvo como especie intermediaria a civetas de las palmeras (*Paradoxales hermaphroditus*) (31). Por su parte, el virus MERS CoV, surgió en Arabia Saudita en 2012, las investigaciones en filogenética señalan

un salto desde los murciélagos a los camellos en África, y posteriormente estos dromedarios fueron importados a la península Arábiga llevando el virus a los humanos (32) American Society for Microbiology. The emerging Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV.

Tabla 2. Comparación de características de Coronavirus epidémicos en humanos.

Característica	Sars	Mers	COVID-19
Virus causante	SARS-CoV	MERS- CoV	SARS-CoV-2
Género	Clado I, linaje B	Clado II, linaje C	Clado I, linaje B
Tamaño del genoma	29.75 kilobases	30.11 kilobases	29.9 kilobases
Receptor celular	ACE2	4(CD26)	ACE2
Fecha primera emergencia	16-11-2002	04-04-2012	07-12-2019
Lugar primera emergencia	Foshan (China)	Zarja (Jordania)	Wuhan (China)
Declaración del agente causal	Marzo 2003	Junio 2012	Enero 2020
Identificación del virus	Abril 2003	Septiembre 2012	Enero 2020
Estado de infección	Controlada	Esporádica	Vigente
Países involucrados	29	26	
Casos confirmados a la fecha en paréntesis	8096 (31-12-2003)	2553 (31-01-2020)	621M (2022)
Letalidad total	774 (31-12-2003)	866 (31-01-2020)	6,56 M (2022)
Letalidad estimada	9.6%	35 al 40%	<1%

Modificado de (27).

Sin embargo, para SARS-COV2, aún se desconoce el intermediario en la ruta de desbordamiento zoonótico hasta llegar a los humanos, inicialmente, se consideró que las especies silvestres podrían haber estado en contacto cercano a través de los mercados de venta de fauna en China, considerando la presencia

de los animales como serpientes (33), tortugas (34) y pangolines (35), con la premisa que a medida que los virus se mueven entre las diferentes especies, sufren modificaciones genéticas que pueden o no favorecer el tropismo inter-especie.

Murciélagos como reservorios naturales

Existen más de 1200 especies de murciélagos en el mundo, distribuidos en todos los ambientes a excepción de los polos, en el neotrópico hay alta riqueza y abundancia de quirópteros con aproximadamente 380 especies (36), y en Colombia se han registrado 209 (37). La importancia de este taxón radica en las múltiples funciones ecológicas, se encuentran en todos los niveles tróficos, desde depredadores hasta presas con roles de dispersión de semillas, polinización y control de plagas (38).

Los murciélagos son considerados como fuente de propagación de enfermedades a los humanos por virus zoonóticos como: Ébola, Nipah, Hendra, Rabia y otros Lyssavirus, (39). Existe un vínculo ancestral de los murciélagos con los coronavirus que señala la posible coevolución con esta familia viral (40), haciéndolos importantes eslabones en el análisis de los procesos zoonóticos recientes (MERS-CoV, SARS-CoV y SARS-CoV-2). Las características biológicas de los murciélagos incluyen: 1. Hábitos de vida gregaria y altruista, donde comparten espacios pequeños con altas densidades de grupo y desarrollan comportamientos colaborativos en el cuidado de las crías y repartición de recursos alimenticios, en estos mismos espacios, están propensos al contacto con heces y orina de otros murciélagos favoreciendo la diseminación de patógenos (41), 2. La capacidad de volar les permite no sólo desplazarse grandes distancias en búsqueda de alimento o refugios, si no mantener altas tasas metabólicas y calor corporal que inducen a una adaptación de los virus a temperaturas superiores a la que tienen otros mamíferos. Todos esos factores fisiológicos causan una presión selectivamente a los virus frente a sistemas inmunes fuertes, convirtiéndolos en partículas altamente infecciosas al colonizar huéspedes con temperaturas basales más bajas (42).

3. La longevidad en comparación con los pequeños tamaños corporales les permite mantener y diseminar por más tiempo virus a través de diferentes espacios y especies simpátricas con las cuales interactúan (43).

Se han detectado más de 200 coronavirus en murciélagos, que no necesariamente causan enfermedades a humanos y animales domésticos, sino que conviven con los mamíferos voladores sin causarle enfermedad (44). Las evidencias señalan que dentro de los murciélagos ocurren eventos de recombinación, particularmente asociados al gen que codifica para la proteína Spike (S), la cual es la encargada de la interacción y unión al receptor que se va a colonizar (45). Por lo tanto, la vigilancia eco-epidemiológica que se realiza en los coronavirus de murciélagos es determinante para entender los procesos de evolución viral que llevan a un eventual evento zoonótico.

La posibilidad de zoonosis se aumenta dadas las condiciones de coexistencia con los murciélagos que ha sido propiciada por el hombre al aumentar la frontera agrícola y pecuaria, deforestar y presionar a los murciélagos a estar más cerca de los humanos por la disminución de los bosques y refugios naturales (39). Los humanos hemos favorecido la cercanía con los murciélagos al tener ganado y otros animales domésticos que pueden actuar como huéspedes intermediarios de patógenos que antes sólo estaban en ambientes selváticos y silvestres (39).

Adicionalmente, las prácticas asociadas con el tráfico de fauna para el consumo, tenencia como mascotas y medicina tradicional, hace que aumente el contacto con el humano en espacios con poco manejo sanitario, facilitando la dispersión de patógenos entre animales que bajo condiciones de estrés son más susceptibles a la diseminación de agentes etiológicos (33, 46).

Las conexiones encontradas entre coronavirus de murciélagos y los causantes de las epidemias humanas MERS, SARS-CoV y SARS-CoV-2, señalan a los mamíferos voladores como reservorios naturales de coronavirus con potencial zoonótico, en el caso de MERS, SARS-CoV, se han logrado encontrar los huéspedes intermediarios entre murciélagos y humanos (Tabla 1).

La vigilancia eco epidemiológica adelantada por China por largo tiempo permitió identificar rápidamente al murciélago RaTG13, o murciélago de herradura *Rhinolophus affinis*, (47) el cual fue muestreado en 2013 en Yunnan, China, provincia ubicada en el suroeste del país, las muestras fueron analizadas por el instituto de virología en Wuhan, a 1.600 km de distancia de la cueva de murciélagos, esta misma ciudad fue el epicentro de la pandemia por COVID 19. Se logró establecer que SARS-CoV-2 tiene afinidad en casi todas las regiones genómicas (96,2%) con el bat-CoV proveniente de RaTG13. Siendo hasta el momento el genoma completo más similar al causante del COVID 19.

La diseminación del virus en los diferentes elementos del ecosistema es un aspecto que no podemos ignorar y que eventualmente requiere que el virus se adapte a diferentes huéspedes, o que los animales respondan inmunológicamente al ataque, generando una carrera por la supervivencia evolutiva de los patógenos que dependen de la infección a nuevos huéspedes, y saltar a otras especies es una forma de hacerlo. Pero, los sistemas inmunes del nuevo huésped intentan eliminar a los patógenos, lo que significa que los dos están encerrados en un juego evolutivo, donde se trata de encontrar nuevas formas de vencerse mutuamente.

Zoonosis

Las zoonosis son las patologías que se transmiten de animales a humanos, mediante diversos mecanismos, molecularmente la entrada del SARS-CoV-2 a la célula hospedera es mediada a través de la interacción de la proteína viral “spike” o S y los receptores de la enzima convertidora de angiotensina II (ACE2) de la célula, los cuales se expresan en las membranas del pulmón, sistema cardiovascular, intestino, riñón, sistema nervioso central y tejido adiposo (48). Modelos predictivos que incluyen estudios de acoplamiento, computacionales basados en secuencias y los estudios experimentales de infección, en diferentes animales como felinos, primates, roedores y mustélidos presentaron un cuadro clínico con replicación viral y diseminación del virus SARS-CoV 2 en distintas secreciones (49).

El SARS-CoV-2 puede infectar a una amplia gama de hospedadores mamíferos que comparten la enzima ACE2 en mayor o menor cantidad. Ya que este receptor tiene un alto grado de conservación en su estructura, la transmisión a otros animales podría dar lugar a eventos zoonóticos (29). Este virus ha sido aislado de gatos, hurones, perros, hienas, coatíes, nutrias, grandes felinos (leones, tigres, panteras, pumas, leopardos), primates no humanos, venados de cola blanca, hipopótamos y visones, infectados de forma natural (48-49-50-51-52): Hasta el momento sólo los felinos, macaco rhesus (*Macaca mulatta*) y mustélidos han mostrado contagios entre individuos de su misma especie. El paso del virus del humano hacia los grandes y pequeños felinos es evidente y se ha demostrado el retorno del virus hacia los humanos proveniente de Visones de granja y hámster de compañía (53).

El caso de los visones americanos (*Neovison vison*) que han presentado signos de enfermedad más severos y muerte, llama la atención por la capacidad demostrada de transmitir el virus entre ellos y hacia los humanos, y donde se ha demostrado que se produjo una mutación en la proteína Y453F (Ver Figura 1.). El reporte de brotes en las granjas de visones de España, Suecia, Países Bajos, Italia, Estados Unidos y Dinamarca son casos naturales de un salto secundario del virus desde los humanos hacia animales (54-55-56).

Se comprobó que el virus circula entre las jaulas de los visones al esparcirse a través de los aerosoles o polvos generados al limpiar las camas de los animales donde se alojan las heces fecales; luego de la infestación los animales sobrevivientes habían desarrollado anticuerpos neutralizantes para SARS-CoV-2, generando una inmunidad de rebaño. Adicionalmente, se detectaron anticuerpos SARS-CoV-2 en gatos callejeros que circundan el criadero de visones, dejando abierta la posibilidad que el virus siga diseminándose entre los animales tanto de la granja como los gatos que entran y salen del recinto (57).

En los estudios realizados por el Instituto de Investigaciones biológicas del trópico, de la Universidad de Córdoba, se logró demostrar la transmisión de SARS-CoV-2 desde los humanos a animales de compañía, gato y perro (28-29), señalando la cronología asociada a la infección viral (Ver Figura 2.).

Sobre los estudios de susceptibilidad se ha demostrado que los primates catarrinos —simios y monos de África y Asia— son altamente susceptibles al SARS-CoV-2, por las similitudes de la enzima ACE2, en estos primates (macacos, chimpancés, bonobos, gorilas y orangutanes) (58). Los perros pueden adquirir el virus y seroconvertir. Otros animales como los cerdos, gallinas y patos son poco susceptibles a la infección por SARS-CoV-2 (59).

Sin embargo, los animales de laboratorio no modificados como ratones y ratas no han sido experimentalmente eficientes en la replicación del virus, a pesar de hacer la inoculación, porque los dominios RBD de la enzima ACE2 son diferentes (59).

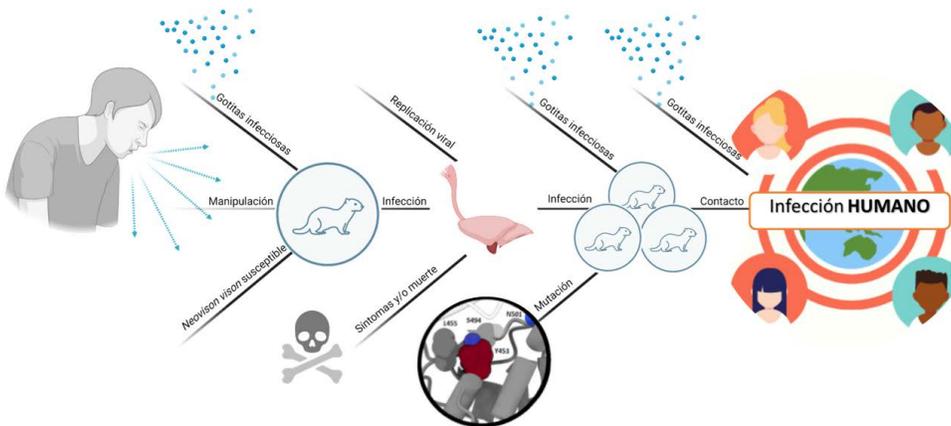


Figura 1. Ciclo de infección por SARS-CoV-2: Humano-Animal-Humano. Adaptada de: EpiCoV™.

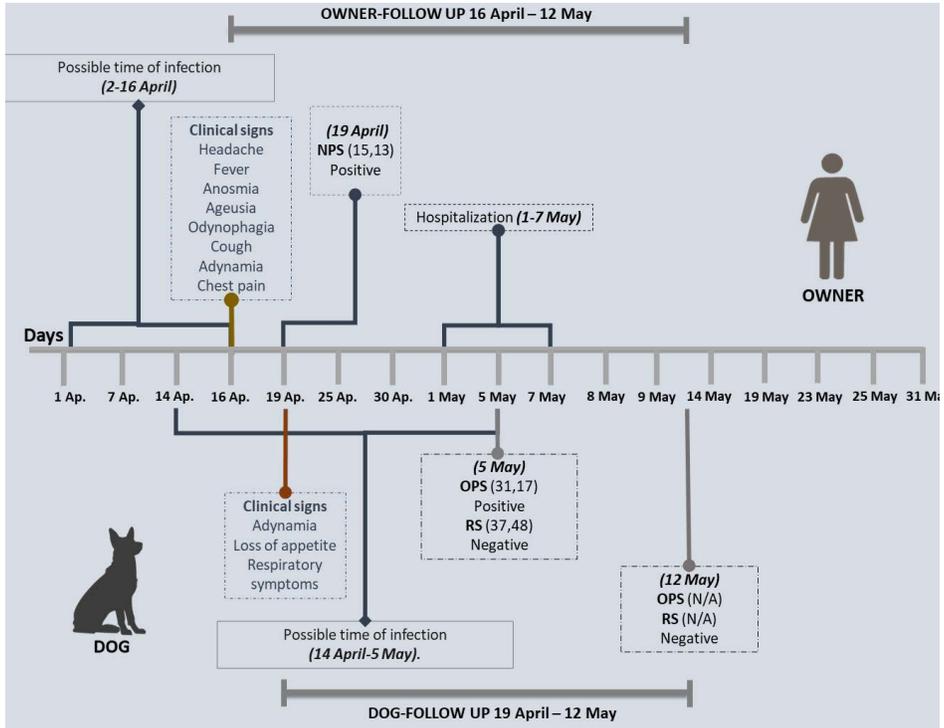


Figura 2. Cronología del diagnóstico de síntomas, pruebas moleculares y seguimiento.

Medidas de seguimiento y control de coronavirus con potencial zoonótico

Las enfermedades zoonóticas por coronavirus son de gran interés a nivel mundial debido a que pueden generar un impacto negativo en lo económico y social, ocasionando pérdidas humanas y desastres en la economía mundial (60-61). Se hace necesario integrar todos los componentes de la salud pública que involucren humanos y animales (62). Desde el contexto de One Health, se sugiere implementar las siguientes medidas de seguimiento y control interdisciplinarias (63-64).

- Mejorar la vigilancia para la detección temprana de amenazas de enfermedades en humanos, recopilando y analizando oportunamente la información de enfermedades con potencial zoonótico.

- Integrar eficazmente los sectores de la salud humana y animal para que se genere una estrecha comunicación y aportes científicos que permitan identificar los puntos críticos antes, durante y después de la presencia del evento zoonosis.
- Se debe realizar un manejo Integrado desde todas las áreas de la salud humana, animal y ambiental para el control de vectores basado en el conocimiento del vector, las enfermedades que transmite, y las características de la enfermedad.
- Fortalecimiento de las capacidades de diagnóstico de laboratorio para nuevos patógenos, que incluya técnicas de detección viral sensibles y rápidas, incluidos métodos de biología molecular como la genómica y la proteómica.
- Desarrollo de planes de contingencia para aumentar la capacidad de preparación y respuesta ante epidemias para zoonosis emergentes integrando el conocimiento de expertos en animales silvestres, de producción y domésticos.
- Identificar las características y patrones de transmisión viral y comprender las características de los vectores y reservorios animales, el medio ambiente y la epidemiología de la enfermedad.
- Cumplir con las medidas sanitarias y fitosanitarias para tener alimentos seguros con el fin de conservar la salud de animales, humanos y plantas y así controlar los agentes zoonóticos.
- Una detección rápida de los coronavirus zoonóticos puede facilitar la aplicación oportuna de medidas terapéuticas, profilácticas y preventivas.
- Es necesario caracterizar molecularmente las variantes de SARS-CoV-2, y publicar las secuencias en bancos genómicos de acceso abierto, para que la vigilancia epidemiológica sea efectiva y permita generar alertas tempranas de variantes con alto poder de contagio.

- Trabajar juntamente con los medios de comunicación para divulgar de manera oportuna y acertada los conocimientos sobre enfermedades emergentes o reemergentes, las rutas de transmisión y las medidas profilácticas que se deben emplear.

Perspectivas futuras

Considerando los lineamientos One Health, de la OMS (Organización Mundial para la Salud) y la OMSA (Organización Mundial de Sanidad Animal), debemos propender por la implementación de estrategias que garanticen la salud del ecosistema, de los animales y por tanto de las poblaciones humanas.

Es importante reconocer que la humanidad ha sido sacudida en la pandemia por SARS CoV-2, siendo este un momento histórico en el cambio de conciencia, que podría traducirse en un cambio en las políticas y el uso de los recursos naturales. Recursos comunes que a través del tiempo hemos sobreexplotado y hoy día nos pasa factura reflejada en cambio climático, pérdida de biodiversidad y de servicios ecosistémicos. Debemos propender por no agotar los límites planetarios como factores clave que aseguran un planeta habitable para los seres humanos.

Es ahora cuando las iniciativas colaborativas multinivel deben dar frutos en todos los frentes y por ello debemos aumentar los esfuerzos por educar, generar políticas públicas acordes con el desarrollo sostenible, invertir recursos en Investigación, Desarrollo e Innovación (I+D+I), que nos permita ser competitivos y sobre todo hacer la vigilancia epidemiológica para generar respuesta temprana ante una posible crisis de salud por zoonosis, tratando de reducir la transmisión de enfermedades a través del control de los riesgos en la interfaz animal-ambiente-humano; con sistemas de alertas tempranas en la aparición de enfermedades emergentes y reemergentes.

Prácticas como el consumo y comercio de animales silvestres deben ser eliminadas. Además, es necesario propender por reestablecer los servicios ecosistémicos, con sistemas productivos amigables con el ambiente, donde se procure el uso sostenible de los recursos, para garantizar la seguridad alimentaria a las poblaciones humanas.

La zoonosis es un proceso natural, inducido por las acciones humanas, si cuidamos la salud de los animales muy seguramente cuidaremos también la nuestra.

Referencias

1. Woolhouse MEJ, Gowtage-Sequeria S. Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerg Infect Dis.* 2005;11(12):1842–7.
2. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2019;17(3):181–92.
3. Hemida, M. G., D. K. W. Chu, R. A. P. M. Perera, R. L. W. Ko, R. T. Y. So, B. C. Y. Ng, S. M. S. Chan, S. Chu, A. A. Alnaeem, M. A. Alhammadi, R. J. Webby, L. L. M. Poon, U. B. R. Balasuriya, and M. Peiris. 2017. “Coronavirus Infections in Horses in Saudi Arabia and Oman.” *Transboundary and Emerging Diseases* 64(6):2093–2103.
4. Zhong N, Zheng B, Li Y, Ponn X, Chan K, Li P. Epidemiology and cause of severe acute respiratory syndrome (SARS) in Guangdong, People’s Republic of China, in February, 2003. *Lancet.* 2003;362:1353–1358.
5. Mora-Díaz JC, Piñeyro PE, Houston E, Zimmerman J, Giménez-Lirola LG. Porcine hemagglutinating encephalomyelitis virus: A review. *Front Vet Sci.* 2019;6(FEB):1–12.
6. Jung K, Saif L, Wang Q. Porcine epidemic diarrhea virus (PEDV): An update on etiology, transmission, pathogenesis, and prevention and control. *Virus Res.* 2020;1–13.
7. Perlman S, Netland J. Coronaviruses post-SARS: Update on replication and pathogenesis. *Nat Rev Microbiol.* 2009;7(6):439–50.
8. Weiss SR, Navas S. Coronavirus Pathogenesis and the Emerging Pathogen Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus. *Microbiol Mol Biol Rev.* 2005;69(4):635–64.
9. Decaro N, Buonavoglia C. An update on canine coronaviruses: Viral evolution and pathobiology. *Vet Microbiol.* 2008;132.
10. Pusterla, N., R. Vin, C. M. Leutenegger, L. D. Mittel, and T. J. Divers. 2018. “Enteric Coronavirus Infection in Adult Horses.” *The Veterinary Journal* 231:13–18.
11. Guy, J. S., J. J. Breslin, B. Breuhaus, S. Vivrette, and L. G. Smith. 2000. “Characterization of a Coronavirus Isolated from a Diarrheic Foal.” *Journal of Clinical Microbiology* 38(12):4523–26.
12. Mihindikulasuriya KA, Wu G, St. Leger J, Nordhausen RW, Wang D. Identification of a Novel Coronavirus from a Beluga Whale by Using a Panviral Microarray. *J Virol.* 2008;82(10):5084–8.
13. Snijder, Eric J., Peter J. Bredenbeek, Jessika C. Dobbe, Volker Thiel, John Ziebuhr, Leo L. M. Poon, Yi Guan, Mikhail Rozanov, Willy J. M. Spaan, and Alexander E. Gorbalenya.

2003. "Unique and Conserved Features of Genome and Proteome of SARS-Coronavirus, an Early Split-off from the Coronavirus Group 2 Lineage." *Journal of Molecular Biology* 331(5):991–1004.
14. Lin SY, Chen HW. Infectious bronchitis virus variants: Molecular analysis and pathogenicity investigation. *Int J Mol Sci.* 2017;18(10):1–17.
 15. Weiss SR, Navas S. Coronavirus Pathogenesis and the Emerging Pathogen Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus. *Microbiol Mol Biol Rev.* 2005;69(4):635–64.
 16. Romano J, Velázquez A, Olgúin F. Relaciones antigénicas del virus de la bronquitis infecciosa de las aves con el de la gastroenteritis transmisible de los cerdos. *Vet Mex OA.* 2020;7(3):1–13.
 17. Aitken C. *Clinical Virology*, 3rd Edition *Clinical Virology*, 3rd Edition Edited by D. D. Richman, R. J. Whitley, and F. G. Hayden Washington, DC: ASM Press, 2009. 1408 pp, Illustrated. \$259.59 (hardcover). *Clin Infect Dis.* 2010;50(12):1692–1692.
 18. Korner, R., M. Mohamed, M. Alcanzar, and E. Mahabir. 2020. "Of Mice and Men: The Coronavirus MHV and Mouse Models as a Translational Approach to Undertand SARS-CoV-2." *Viruses* 12(880):1–26.
 19. Durães-Carvalho, Ricardo, Leonardo C. Caserta, Ana C. S. Barnabé, Matheus C. Martini, Helena L. Ferreira, Paulo A. N. Felipe, Márcia B. Santos, and Clarice W. Arns. 2015. "Coronaviruses Detected in Brazilian Wild Birds Reveal Close Evolutionary Relationships with Beta- and Deltacoronaviruses Isolated From Mammals." *Journal of Molecular Evolution* 81(1–2):21–23.
 20. Chamings, Anthony, Tiffanie M. Nelson, Jessy Vibin, Michelle Wille, Marcel Klaassen, and Soren Alexandersen. 2018. "Detection and Characterisation of Coronaviruses in Migratory and Non-Migratory Australian Wild Birds." *Scientific Reports* 8(1).
 21. Chu, D., C. Leung, M. Gilbert, P. Joyner, E. Ng, T. Tse, and Y. Guan. 2011. "Avian Coronavirus in Wild Aquatic Birds.Pdf." *Journal of Virology* 85(23):12815–20.
 22. Torres, C. A., V. Listorti, C. Lupini, G. Franzo, M. Drigo, E. Catelli, and P. E. Brand. 2017. "Gamma and Deltacoronaviruses in Quail and Pheasants from Northern Italy." *Molecular and cellular biology* 96:717–22.
 23. Mousavizadeh L, Ghasemi S. Genotype and phenotype of COVID-19: Their roles in pathogenesis. *J Microbiol Immunol Infect.* 2020;
 24. Woo, P. C. Y., S. K. P. Lau, C. S. F. Lam, C. C. Y. Lau, A. K. L. Tsang, J. H. N. Lau, R. Bai, J. L. L. Teng, C. C. C. Tsang, M. Wang, B. J. Zheng, K. H. Chan, and K. Y. Yuen. 2012. "Discovery of Seven Novel Mammalian and Avian Coronaviruses in the Genus Deltacoronavirus Supports Bat Coronaviruses as the Gene Source of Alphacoronavirus and Betacoronavirus and Avian Coronaviruses as the Gene Source of Gammacoronavirus and Deltacoronavi." *Journal of Virology* 86(7):3995–4008.

25. Amer HM. Bovine-like coronaviruses in domestic and wild ruminants. *Anim Heal Res Rev.* 2019;19:133–124.
26. Fernandes A, Brandão PE, dos Santos M, de Souza M, da Silva TG, da Silva V, et al. Genetic diversity of BCoV in Brazilian cattle herds. *Vet Med Sci.* 2018;4(3):183–9.
27. Sokani Sánchez, Pablo Colunga, Gabriela Aguilar, Carlos A. López, Juan Mosqueda. 2022. La fauna silvestre y la COVID-19. ¿y ahora qué? *Bioagrocencias* 15 (1S).
28. Yesica Botero, Juan David Ramírez, Héctor Serrano-Coll, Ader Aleman, Nathalia Ballesteros, Caty Martínez, Marina Muñoz, Alfonso Calderon, Luz H Patiño, Camilo Guzman, Sergio Castañeda, Yonairo Herrera, Salim Mattar. 2022 First report and genome sequencing of SARS-CoV-2 in a cat (*Felis catus*) in Colombia. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 117: e210375.
29. Rivero R, Garay E, Botero Y, Serrano-Coll H, Gastelbondo B, Muñoz M, Ballesteros N, Castañeda S, Patiño L, Ramirez JD, Calderon A, Guzman C, Martínez-Bravo C, Aleman A, Arrieta G, Mattar S. 2022. Human-to-dog transmission of SARS-CoV-2, Colombia. *Sci Rep* 12;12(1):7880. doi: 10.1038/s41598-022-11847-9.
30. Paternina E, Garcia A, Tique-Salleg V, Alvarez G, Miranda J, Mattar-Velilla S. 2022. Circulación de SARS-CoV-2 en animales de vida silvestre en zoológicos y centros de atención y valoración del Caribe colombiano. *Infectio* 26(4) suplemento 1.
31. Zhu Z, Lian X, Su X, Wu W, Marraro GA, Zeng Y. From SARS and MERS to COVID-19: A brief summary and comparison of severe acute respiratory infections caused by three highly pathogenic human coronaviruses. *Respir Res.* 2020;21(1):1–14.
32. Corman V, Ithete N, Richards L, Schoeman M, Preiser W, Drosten C, et al. Rooting the Phylogenetic Tree of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus by Characterization of a Conspecific Virus from an African Bat. *J Virol.* 2014;88(19):11297–303.
33. Ji W, Wang W, Zhao X, Zai J, Li X. Cross-species transmission of the newly identified coronavirus 2019-nCoV. *J Med Virol.* 2020;92(4):433–40.
34. Liu Z, Xiao X, Wei X, Li J, Yang J, Tan H, et al. Composition and divergence of coronavirus spike proteins and host ACE2 receptors predict potential intermediate hosts of SARS-CoV-2. *J Med Virol* [Internet]. 2020;92(6):595–601. Available from: <http://dx.doi.org/10.1002/jmv.25726>
35. Liu P, Chen W, Chen JP. Viral metagenomics revealed sendai virus and coronavirus infection of malayan pangolins (*manis javanica*). *Viruses.* 2019;11(11).
36. Solari S, Martínez-Arias V. Cambios recientes en la sistemática y taxonomía de murciélagos Neotropicales (Mammalia: Chiroptera). *Therya.* 2005;5(1):167–96.

37. Ramírez-Chaves, H., A. F. Suárez-Castro, Sociedad Colombiana de Mastozoología, D. Zurc, D. C. Concha-Osbahr, F. Trujillo, E. A. Noguera-Urbano, G. E. Pantoja, M. Rodríguez-Posada, J. F. González-Maya, J. Pérez-Torres, H. Mantilla-Meluk, C. López, A. Velásquez, y D. Zárrate-Charry. 2018. Mamíferos de Colombia. Versión 1.5. Sociedad Colombiana de Mastozoología (Checklist). <http://doi.org/10.15472/k11whs>
38. Solari S, Gómez-Ruiz D, Patiño-Castillo E, Villada-Cadavid T, Carolina López M. Bat diversity of the Serranía de San Lucas (Bolívar and Antioquia), Northern Colombia. *Therya*. 2020;11(1):69–78.
39. Wood JLN, Leach M, Waldman L, MacGregor H, Fooks AR, Jones KE, et al. A framework for the study of zoonotic disease emergence and its drivers: Spillover of bat pathogens as a case study. *Philos Trans R Soc B Biol Sci*. 2012;367(1604):2881–92.
40. Brook CE, Dobson AP. Bats as “special” reservoirs for emerging zoonotic pathogens. *Trends Microbiol*. 2015;23(3):172–80.
41. Luis AD, O’Shea TJ, Hayman DTS, Wood JLN, Cunningham AA, Gilbert AT, et al. Network analysis of host-virus communities in bats and rodents reveals determinants of cross-species transmission. *Ecol Lett*. 2015;18(11):1153–62.
42. O’Shea TJ, Cryan PM, Cunningham AA, Fooks AR, Hayman DTS, Luis AD, et al. Bat flight and zoonotic viruses. *Emerg Infect Dis*. 2014;20(5):741–5.
43. Munshi-south J, Wilkinson GS. Bats and birds : Exceptional longevity despite high metabolic rates. 2010;9:12–9.
44. Banerjee A, Kulcsar K, Misra V, Frieman M, Mossman K. Bats and coronaviruses. *Viruses*. 2019;11(1):7–9.
45. Tao Y, Shi M, Chommanard C, Queen K, Zhang J, Markotter W, et al. Surveillance of Bat Coronaviruses in Kenya Identifies Relatives of Human Coronaviruses NL63 and 229E and Their Recombination History. *J Virol*. 2017;91(5).
46. Zhao J, Cui W, Tian BP. The Potential Intermediate Hosts for SARS-CoV-2. *Front Microbiol*. 2020;11(September):1–11.
47. Hu B, Zeng L-P, Yang X-L, Ge X-Y, Zhang W, Li B, et al. 新发现11条sars Strains, 有一个simplot图作参考. *PLOS Pathog* [Internet]. 2017;13(11):1–27. Available from: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006698>
48. Gheblawi M, Wang K, Viveiros A, Nguyen Q, Zhong JC, Turner AJ, et al. Angiotensin-Converting Enzyme 2: SARS-CoV-2 Receptor and Regulator of the Renin-Angiotensin System: Celebrating the 20th Anniversary of the Discovery of ACE2. *Circ Res*. 2020;1456–74.
49. Sharun K, Tiwari R, Patel SK, Karthik K, Iqbal Yatoo M, Malik YS, et al. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) in domestic animals and wildlife: advances and prospects in

- the development of animal models for vaccine and therapeutic research. Vol. 16, Human Vaccines and Immunotherapeutics. Bellwether Publishing, Ltd.; 2020. p. 3043–54.
50. WAIS-OIE, 2023. Disponible en: <https://www.woah.org/oie-wahis>, consultado 20 octubre 2023.
 51. Oude Munnink BB, Sikkema RS, Nieuwenhuijse DF, Jan Molenaar R, Munger E, Molenkamp R, et al. Jumping back and forth: anthroozoonotic and zoonotic transmission of SARS-CoV-2 on mink farms Affiliations. bioRxiv [Internet]. 2020; Available from: <https://doi.org/10.1101/2020.09.01.277152>
 52. McAloose D, Laverack M, Wang L, Killian ML, Caserta LC, Yuan F, et al. From people to Panthera: Natural SARS-CoV-2 infection in tigers and lions at the Bronx Zoo. bioRxiv. 2020;11(5):1–13.
 53. Sila T, Sunghan J, Laochareonsuk W, Surasombatpattana S, Kongkamol C, Ingviya T, et al. Suspected Cat-to-Human Transmission of SARS-CoV-2, Thailand, July–September 2021. Emerg Infect Dis. 2022;28(7):1485–8.
 54. Zhou P, Shi ZL. SARS-CoV-2 spillover events Spillover from mink to humans highlights SARS-CoV-2 transmission routes from animals. Nat Rev Microbiol. 2021;371(6525):120–2.
 55. Van Dorp L, Tan CCS, Lam SD, Richard D, Owen C, Berchtold D, et al. Recurrent mutations in SARS-CoV-2 genomes isolated from mink point to rapid host-adaptation. bioRxiv. bioRxiv; 2020.
 56. Koopmans M. SARS-CoV-2 and the human-animal interface: outbreaks on mink farms. 2020; Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/who-convended->
 57. Sharun K, Tiwari R, Natesan S, Dhama K. SARS-CoV-2 infection in farmed minks, associated zoonotic concerns, and importance of the One Health approach during the ongoing COVID-19 pandemic. Vet Q. 2021 Jan 1;41(1):50–60.
 58. Oreshkova N, Molenaar RJ, Vreman S, Harders F, Oude Munnink BB, Van Der Honing RWH, et al. SARS-CoV-2 infection in farmed minks, the Netherlands, April and May 2020. Eurosurveillance [Internet]. 2020;25(23):1–7. Available from: <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.23.2001005>
 59. Munnink BBO, Meulder D De, Amerongen G Van, Brand J Van Den, Okba NMA, Schipper D, et al. Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a non-human primate model. 2020;1015(May):1012–5.
 60. Shi J, Wen Z, Zhong G, Yang H, Wang C, Liu R, et al. Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and different domestic animals to SARS-coronavirus-2. bioRxiv. 2020;1–23.
 61. Kiros M, Andualem H, Kiros T, Hailemichael W, Getu S, Geteneh A, et al. COVID-19 pandemic: Current knowledge about the role of pets and other animals in disease transmission. Vol. 17, Virology Journal. BioMed Central Ltd.; 2020.

62. A Scientific Assessment with Key Messages for Policy-Makers A Special Volume of UNEP's Frontiers Report Series Preventing the next pandemic preventing the next pandemic Zoonotic diseases and how to break the chain of transmission [Internet]. 2020. Available from: <https://www.un.org/Depts/Cartographic/>
63. Santos R, Monteiro S. Epidemiology, control, and prevention of emerging zoonotic viruses. In: *Viruses in Food and Water: Risks, Surveillance and Control*. Elsevier Ltd.; 2013. p. 442–57.
64. Belay ED, Kile JC, Hall AJ, Barton-Behravesh C, Parsons MB, Salyer S, et al. Zoonotic disease programs for enhancing global health security. *Emerging Infectious Diseases*. 2017 Dec 1;23: S65–70.