



Relação entre Sars-CoV-2 e animais domésticos como possíveis reservatórios: Revisão de Literatura

Relationship between Sars-CoV-2 and domestic animals as possible reservoirs: Literature Review

Amanda de Oliveira Moraes

Graduanda de Medicina Veterinária pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: amandaoliveiraemoraiss@gmail.com

Clarisse Maria Barbosa Fonseca

Mestra em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: clarissembfonseca@gmail.com

João Victor Silva Araújo

Mestre em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: araujo.jvsbio@gmail.com

Maria Augusta Amorim Franco de Sá

Mestra em Ciências e Saúde pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: maugustasa@hotmail.com

Ingrid dos Santos Farias

Médica Veterinária pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: ingriddosantofarias@gmail.com



Alexandra de Siqueira Cajado Liarte

Médica Veterinária pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: alecajado@gmail.com

Jordana Fonseca Reis

Graduanda de Medicina pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: jordanafr@hotmail.com

Airton Mendes Conde Júnior

Doutor em Ciências pela Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Instituição: Universidade Federal do Piauí (UFPI)
Endereço: Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Ininga,
Teresina - PI, CEP: 64049-550
E-mail: airton.conde@ufpi.edu.br

RESUMO

Em dezembro de 2019 na cidade de Wuhan, na China, foram relatados os primeiros casos de uma doença infecciosa relacionada à síndrome respiratória grave, posteriormente foi descoberto seu agente etiológico, um novo coronavírus identificado como SARS-CoV-2. A origem da nova variante ainda não é bem definida, mas estudos indicam a ancestralidade zoonótica, em que, morcegos têm ganhado destaque na epidemiologia da doença devido a similaridades entre o SARS-CoV-2 com os coronavírus desses animais. Em concomitância com os estudos realizados para definir os hospedeiros originais e intermediários, também é realizado pesquisas para avaliar a capacidade de infecção do vírus nos animais domésticos, assim como a possibilidade desses animais serem reservatórios infecciosos do novo coronavírus. Animais de companhia podem contrair o vírus através de seus tutores já previamente infectados, ocorrendo então a infecção humano-animal, no entanto, não há pesquisas que comprovem a capacidade de cães e gatos serem uma fonte de infecção para os humanos com importância epidemiológica.

Palavras-chave: COVID-19, animais domésticos, epidemiologia.

ABSTRACT

In December 2019, in the city of Wuhan, China, the first cases of an infectious disease related to severe respiratory syndrome were reported, later its etiological agent was discovered, a new coronavirus identified as SARS-CoV-2. The origin of the new variant is not yet well defined,



but studies indicate zoonotic ancestry, in which bats have gained prominence in the epidemiology of the disease due to similarities between SARS-CoV-2 and the coronaviruses of these animals. In conjunction with the studies carried out to define the original and intermediate hosts, research is also carried out to assess the ability of the virus to infect domestic animals, as well as the possibility that these animals are infectious reservoirs of the new coronavirus. Companion animals can contract the virus through their previously infected owners, then human-animal infection occurs, however, there is no research that proves the ability of dogs and cats to be a source of infection for humans with epidemiological importance.

Keywords: COVID-19, domestic animals, epidemiology.

1 INTRODUÇÃO

O Coronavírus (CoV) é um vírus de RNA positivo, envelopado e de fita simples. A família Coronaviridae está dividida em quatro gêneros, *Alfatornavirus*, *Betatornavirus*, *Gamatornavirus* e *Deltatornavirus*, que podem infectar tanto homens quanto animais silvestres e domésticos (SU *et al.*, 2016). A ampla gama de hospedeiros deve-se à frequente taxa de recombinação que promove alterações na virulência, permitindo a adaptação (ANDERSEN *et al.*, 2020).

Tal evento biológico tem relevância no surgimento de novas enfermidades. Ao analisar o histórico de doenças zoonóticas de origem da família Coronaviridae nas últimas duas décadas, destacam-se o surto de SARS-CoV (Síndrome Respiratória Aguda Grave) em 2003 na província de Guangdong, China e MERS-CoV (Síndrome Respiratória do Oriente Médio) que surgiu em 2012 nos países do Oriente Médio, ambos do gênero *Betatornavirus*. O SARS-CoV-2 é o mais novo coronavírus (CoV) e o terceiro CoV altamente patogênico relatado desde o início do século XXI que afeta seres humanos (CUI *et al.*, 2019). Acredita-se que o contato próximo entre animais e as pessoas na cidade de Wuhan na China contribuiu para o surgimento dos casos infectados pelo novo coronavírus, em 2019, assim como nas outras epidemias (DECARO; LORUSSO, 2020).



A partir de situações emergentes e com a adaptação de agentes patogênicos e rápida disseminação, torna-se evidente a necessidade de compreensão da relação e do papel não somente dos animais silvestres, como também dos animais domésticos em relação à evolução de novos coronavírus (WAN *et al.*, 2020). Através do levantamento bibliográfico nas determinadas bases de dados, objetivou-se destacar o que já foi comprovado e o que vêm sendo estudado diante da relação entre o COVID-19 e os animais domésticos.

2 METODOLOGIA

Esta revisão narrativa baseia-se em um levantamento bibliográfico realizado nas bases de dados PubMed, Scielo e CAPES, sobre SARS-CoV-2 utilizando como descritores: SARS-CoV-2, animais, cão e gato, evolução e reservatório. Foram rejeitados os artigos com menor relevância em relação ao tema, que não abordavam casos de SARS-CoV-2 ou a relação zoonótica. Dentre os trabalhos selecionados destacam-se artigos originais que realizaram testes em animais para comprovar ou descartar a susceptibilidade ao coronavírus humano, artigos de revisão foram selecionados, por atualizarem sobre os primeiros casos de COVID-19 relatados, e artigos originais e revisões que abordam a origem e evolução do vírus, caracterização genômica e epidemiologia, importantes para entender a capacidade do atual vírus atravessar barreiras entre espécie e compreender seu poder zoonótico.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estudos sobre a subfamília *Coronavirinae* têm grande relevância no âmbito acadêmico e médico, pois esta subfamília é composta por dois gêneros (*Alphacoronavírus* e *Betacoronavírus*) responsáveis por infecções respiratórias e gastrointestinais em humanos e animais respectivamente e por outros dois gêneros (*Gammacoronavírus* e *Deltacoronavírus*) relacionados a infecções em aves e em alguns mamíferos. Dentre os quatro gêneros destaca-se os *Alphacoronavirus* e *Betacoronavirus*, fontes de 7 coronavírus importantes clinicamente, os vírus HCoV-NL63, HCoV-229E, HCoV-OC43, HCoV-HKU1,



SARS-CoV, MERS-CoV e o novo coronavírus SARS-CoV-2 (CUI *et al.*, 2019; SALATA *et al.*, 2020).

A origem da nova variante do coronavírus, SARS-CoV-2, é explicada através de dois fatores: seleção natural em um animal hospedeiro antes da transferência zoonótica; e seleção natural em humanos. Devido a comum presença de animais silvestres nos locais em que se iniciaram os surtos, é apontado que esses animais sejam a fonte do agente. Destaca-se a semelhança entre SARS-CoV-2 com os coronavírus semelhantes ao SARS-CoV de morcegos e de pangolins, no entanto, é provável que os morcegos servissem como os hospedeiros originais por serem mais geneticamente próximos de SARSCoV-2 em nível de gene individual e sequência genômica em comparação com a sequência genômica de coronavírus de pangolins (LIU *et al.*, 2019; SALATA *et al.*, 2020). Seguida da transferência zoonótica do SARS-CoV-2, é plausível que o progenitor tenha saltado para humanos e através de adaptações durante as transmissões humano-humano, o nível de infecção aumentou, causando mais uma epidemia e posteriormente uma pandemia relacionada à síndrome respiratória aguda grave (ANDERSEN *et al.*, 2020; XU *et al.*, 2020).

Foi descrito o primeiro caso de SARS-CoV em um animal doméstico no final de fevereiro. Um cão de 17 anos da raça Lulu da Pomerânia, destaca-se que sua tutora apresentou os sinais clínicos da COVID-19 e posteriormente testou positivo para a doença. Através de reação em cadeia pela polimerase em tempo real (RT-PCR), foi confirmada a infecção no animal. Caso semelhante relatado em um cão da raça Pastor Alemão. Ambos casos apresentaram teste sorológico negativos, mas sugerem a transmissão humano-animal, porém não foi descrito nenhum sinal específico nos cães infectados durante o período em que estavam eliminando o vírus (SIT *et al.*, 2020).

Um estudo mais amplo analisou a suscetibilidade ao SARS-CoV-2 em diversas espécies. Foi realizado em furões, gatos, cães e outros animais domésticos: porcos, galinhas e patos. Nos furões avaliou-se que o SARS-CoV-2 pode se replicar no trato respiratório superior, mas sua replicação em outros órgãos foi indetectável. Foi detectado o vírus nas coletas de swab nasais em



todos os animais, e alguns furões desenvolveram febre e falta de apetite. Por meio do teste de ELISA e um ensaio de neutralização, foram detectados anticorpos contra SARS-CoV-2. (SHI *et al.*, 2020). Nos felinos, além da avaliação da suscetibilidade, foi analisada e confirmada a transmissão do vírus entre os gatos por meio de gotículas respiratórias em condições experimentais. Outros estudos demonstraram casos de felinos infectados que exibiram formas leves a graves da doença (HALFMANN *et al.*, 2020; LEROY *et al.*, 2020).

A maior suscetibilidade e aparente semelhança dos sintomas dos gatos com o dos humanos ocorre possivelmente devido à similaridade nos receptores das células respiratórias, o que pode facilitar a entrada do vírus, tornando os gatos mais suscetíveis a desenvolver a doença. No entanto, a transmissão do vírus de gato para humano ainda não foi relatada em circunstâncias naturais (SHARUN *et al.*, 2021).

A partir dos dados disponíveis, é demonstrado que animais de companhia, como cães e gatos, são suscetíveis à infecção por variantes do SARS-CoV-2. No entanto, o impacto de tais variantes em termos de transmissibilidade, gravidade da doença e patogênese ainda é pouco conhecido. Destaca-se que uma espécie animal só pode ser considerada um hospedeiro reservatório quando reintroduzir de forma eficiente o vírus nos seres humanos (GRIMM, 2021; SHARUN *et al.*, 2021).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Através dos estudos analisados, vê-se que, possivelmente, animais de companhia podem contrair o vírus através de seus tutores já previamente infectados, ocorrendo então a infecção humano-animal. Vale ressaltar a maior susceptibilidade de gatos ao vírus. Não há estudos que comprovem a capacidade de cães e gatos serem uma fonte de infecção para os seres humanos com importância epidemiológica. A contínua investigação sobre a relação entre o novo coronavírus e os animais de companhia é importante para entender a etiologia, o poder zoonótico da nova variante e seu impacto na saúde humana.



REFERÊNCIAS

ANDERSEN, K. G. *et al.* The proximal origin of SARS-CoV-2. **Nature medicine**, v. 26, n. 4, p. 450-452, 2020.

CUI, J.; LI, F.; SHI, Zheng-Li. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. **Nature Reviews Microbiology**, v. 17, n. 3, p. 181-192, 2019.

DECARO, N.; LORUSSO, A. Novel human coronavirus (SARS-CoV-2): A lesson from animal coronaviruses. **Veterinary microbiology**, v. 244, p. 108693, 2020.

GRIMM, D. Major coronavirus variant found in pets for first time. **Science**, 2021. Disponível em: <https://www.science.org/content/article/major-coronavirus-variant-found-pets-first-time>. Acesso em: 28 de mai. 2022.

HALFMANN, P. J. *et al.* Transmission of SARS-CoV-2 in domestic cats. **New England Journal of Medicine**, v. 383, n. 6, p. 592-594, 2020.

LEROY, E. M.; GOUILH, M. A.; BRUGÈRE-PICOUX, J. The risk of SARS-CoV-2 transmission to pets and other wild and domestic animals strongly mandates a one-health strategy to control the COVID-19 pandemic. **One Health**, v. 10, 2020.

LIU, P. *et al.* Are pangolins the intermediate host of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2)? **PLoS Pathogens**, v. 16, n. 5, p. e1008421, 2020.

SALATA, C. *et al.* Coronaviruses: a paradigm of new emerging zoonotic diseases. **Pathogens and disease**, v. 77, n. 9, p. ftaa006, 2019.

SHARUN, K. *et al.* SARS-CoV-2 in animals: potential for unknown reservoir hosts and public health implications. **Veterinary Quarterly**, v. 41, n. 1, p. 181-201, 2021.

SHI, J. *et al.* Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS–coronavirus 2. **Science**, v. 368, n. 6494, p. 1016-1020, 2020.

SIT, T. H. C. *et al.* Infection of dogs with SARS-CoV-2. **Nature**, v. 586, n. 7831, p. 776 –778, 2020.

SU, S. *et al.* Epidemiology, Genetic Recombination, and Pathogenesis of Coronaviruses. **Trends in Microbiology**, v. 24, n. 6, p. 490 – 502, 2016.

WAN, Y. *et al.* Receptor Recognition by the Novel Coronavirus from Wuhan: an Analysis Based on Decade-Long Structural Studies of SARS Coronavirus. **Journal of Virology**, v. 94, n. 7, 2020.

XU, J. *et al.* Systematic Comparison of Two Animal-to-Human Transmitted Human Coronaviruses: SARS-CoV-2 and SARS-CoV. **Viruses**, v. 12, n. 2, p.244, 2020.