

La fauna silvestre y la COVID-19 ¿y ahora qué?

Sokani Sánchez-Montes¹, Pablo Colunga-Salas², Gabriela Aguilar-Tipacamú^{3,4*}
Carlos A. López-González³, Juan Mosqueda⁴

Introducción

En marzo 2020, la Organización Mundial de la Salud declaró la pandemia de la enfermedad por Coronavirus-2019 (COVID-19), la cual es ocasionada por el Coronavirus tipo 2 que ocasiona el síndrome respiratorio agudo (*SARS-CoV-2*). Hasta mayo 2022, esta enfermedad ha ocasionado 5,725,075 casos acumulados y 323,891 muertos, reportando en promedio 464 casos positivos y 43 muertos confirmados por día (Secretaría de Salud 2022).

SARS-CoV-2 está integrado por una sola cadena de RNA con sentido positivo, cuyo genoma es de aproximadamente 30 kb, con forma helicoidal envuelto en una membrana de proteína y lípidos -o grasa- que tiene forma de corona, lo que le da su nombre y lo agrupa con otros agentes que ocasionan principalmente cuadros respiratorios e infecciones intestinales en animales y humanos. Estos virus de RNA tienen la característica de tener una mayor tasa de mutación, lo que ha ocasionado complicaciones en las estrategias de prevención y control, como ha ocurrido con la COVID-19, debido a la amplia gama de variantes génicas generadas (Wu et al. 2020, Jo et al. 2021)

De manera general, la filogenia agrupa cuatro géneros de virus según su historia evolutiva: *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* y *Deltacoronavirus*. Hasta el momento, se conocen siete especies que pueden afectar al ser humano: dos *Alphacoronavirus* (*HCoV-229E* y *HCoV-NL63*) y siete *Betacoronavirus* (*HCoV-OC43*, *HCoV-HKU1*, *SARS-CoV*, *MERS-CoV* y *SARS-CoV-2*) (Ahmad et al. 2020). Todos pueden presentar diferentes grados de patogenicidad y virulencia. *Alphacoronavirus* y *Betacoronavirus* se originan en los murciélagos, mientras que *Gammacoronavirus* y *Deltacoronavirus* en aves y cerdos. Se sospecha que los reservorios iniciales del *SARS-CoV-2* son los murciélagos de herradura del género *Rhinolophus*. Si bien ésta es la

hipótesis más aceptada, sigue sin comprobarse (Lytras et al. 2021). El objetivo de este trabajo es aportar información sobre el *SARS-CoV-2* y la importancia de la fauna silvestre en la COVID-19.

Importancia de los Ambientes Antropogénicos

La migración y el desplazamiento humano, por el crecimiento poblacional y la expansión de la agricultura y ganadería, han ocasionado la invasión del hábitat de animales de vida silvestre, y con ello la interacción de humanos-animales silvestres-domésticos y sus vectores. Este escenario ha establecido nuevos ciclos de transmisión de algunas enfermedades zoonóticas emergentes y reemergentes ocasionadas por agentes biológicos y la posibilidad del origen de nuevas pandemias (Figura 1). Este escenario conlleva a la creación de ambientes antropogénicos que son provocados por la acción del hombre, donde ha ocurrido la fragmentación de hábitat, deforestación, y en ocasiones el reemplazo de vegetación natural por cultivos (Chomel et al. 2007, Jones et al. 2013). Estudios realizados en patógenos, que afectan a los humanos, revelan que 26% de estos patógenos es compartido con animales domésticos y silvestres. Algunas enfermedades humano-fauna silvestre son el SIDA, el Ébola, la Rabia, la enfermedad del bosque de Kyasanur (enfermedad del mono) y la COVID-19, entre otras (Jones et al. 2013).

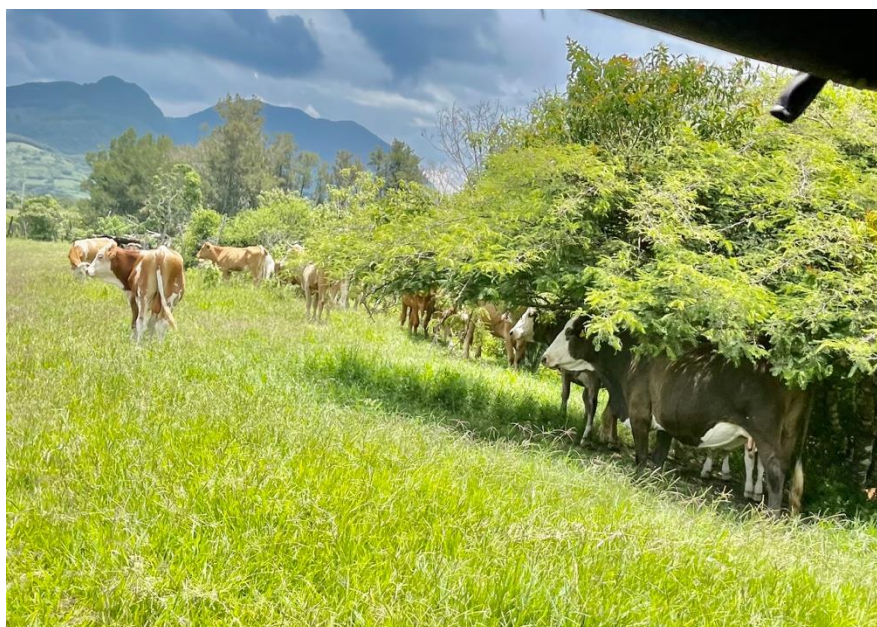


Figura 1. Cambios del uso del suelo para la crianza de ganado bovino.

Experimentos han demostrado que el *SARS-CoV-2* puede afectar tanto animales domésticos y silvestres, además del ser humano, por lo que es importante conocer la susceptibilidad de las especies, ya que es de suma importancia saber si existen posibilidades de contagio zoonótico inverso (anteriormente denominado como antropozoonosis), que puedan ocasionar brotes virales en poblaciones animales y que puedan jugar un papel importante como reservorio de *SARS-CoV-2* (Olival et al. 2020). En consecuencia, la COVID-19 es una emergencia sanitaria mundial y su presencia ha dejado ver la vulnerabilidad del ser humano ante la presencia de nuevas enfermedades zoonóticas y de carácter emergente, por lo que se requiere fortalecer y trabajar coordinadamente la vigilancia de la salud animal y humana sin olvidar la salud de los ecosistemas (Kiros et al. 2020, Olival et al. 2020).

El flujo epidemiológico del *SARS-CoV-2*

El *SARS-CoV-2* afecta tanto al ser humano como a los animales domésticos y silvestres. El Departamento de Agricultura de E.U.A. reportó el 11 de abril del 2022, casos confirmados de *SARS-CoV-2* en animales de compañía, y otros animales bajo cuidado del humano, como gatos, perros, tigres, león, gorila, leopardo de nieve, hiena manchada, coatí, puma, hurón, gato pescador, lince y binturong. El porcentaje de casos positivos para *SARS-CoV-2*, usando la prueba de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) en animales de compañía, fue de 69% (250/362), 88.9% para granjas de visones y 100% en fauna silvestre, mientras que para la detección de anticuerpos fue 30.9% (31/362) en animales de compañía y 11.1% en granjas de visones (APHIS-USDA, 2022). Estos datos dan una idea de la importancia de conocer la circulación del virus en la fauna silvestre en los ecosistemas nativos y creados por el hombre. Así mismo, es necesario monitorear en México la fauna silvestre susceptible a *SARS-CoV-2* y entender el papel epidemiológico que pueden estar desempeñando en la transmisión y mantenimiento del virus en las poblaciones.

Algunas variantes del virus, detectadas en ciervos, son ocasionadas por la propagación por seres humanos del virus en zonas cercanas en donde habitan los ciervos. Sin embargo, otros estudios indican la evolución del virus por la presencia de mutaciones, por lo que no está definido si la transmisión de los ciervos hacia los seres humanos pudiera provocar brotes y que la fauna silvestre pudiera jugar un papel de reservorio, ocasionando brotes y generar nuevas variantes como el caso de la variante

Ómicron que durante un periodo estuvo en animales antes de ser transmitido hacia el ser humano (Mallapaty 2022, Murphy y Ly, 2021, Leroy et al. 2020).

Experimentos para conocer la susceptibilidad de la COVID-19 han demostrado que su virus puede transmitirse de persona a persona y que diversos coronavirus pueden afectar a varios animales, como cerdos, aves, ganado, caballos, conejos, ratas, gatos, hurones. Estos virus pueden ser adaptables a nuevas especies al presentar mutaciones o recombinaciones genéticas que permitan una infección prolongada. Algunas especies son altamente susceptibles al virus, tanto de forma experimental como natural. Tal es el caso de los gatos domésticos (*Felis silvestris catus*). En un análisis *in silico* de ACE2-RBD, es decir de la unión de la proteína “S” que contiene el dominio de unión al receptor (RBD) y el receptor presente en las células diana, la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) para predecir la susceptibilidad en diversas especies al *SARS-CoV-2* (Damas et al. 2020, Lam et al. 2021, Zhai et al. 2020), se detectaron discrepancias en las predicciones *in silico/in vitro* e *in vivo* con respecto a la susceptibilidad. La expresión de receptores y co-receptores, y la respuesta inmune por parte del hospedero *in vivo*, hacen compleja la evaluación de la susceptibilidad en varias especies. Sin embargo, es necesario realizar este tipo de estudios *in silico* e *in vitro* para detectar variantes emergentes del *SARS-Cov-2*. Los mamíferos, que pueden ser susceptibles al virus, son los visones, hámsteres, gatos, mapaches, hurones y conejos, y que pueden cursar una infección y transmitir el virus hacia otros animales susceptibles. Por otro lado, el ganado vacuno, cerdo y perro son pocos susceptibles a la infección y a la amplificación del *SARS-CoV-2* (Kiros et al. 2020, Murphy y Ly 2021, Meekins et al. 2021).

Al recopilar esta información, surge la pregunta ¿cómo se infectan los animales en la naturaleza?, es decir ¿cómo aparecen estos saltos antro-po-zoonóticos? Como se mencionó, el contacto humano con animales silvestres, como el venado cola blanca, suele estar muy cerca de poblaciones humanas; sin embargo, debido al número elevado de casos por *SARS-CoV-2* en estos animales es difícil culpar únicamente al contacto humano-animal y probablemente otros factores, como los ambientales, pudieran estar jugando un papel epidemiológico importante en la transmisión (Figura 2). Esto pudiera estar relacionado con la alimentación, o consumo de agua contaminada, por el ser humano. En el caso del venado cola blanca, la transmisión puede darse por contacto directo entre ellos, ya que estos animales son sociables y al acicalarse, más aún durante el apareamiento donde migran hacia otras zonas, aumentan el riesgo de llevar el virus hacia otros sitios. Se desconoce todavía si existe transmisión del ciervo hacia el humano

y si hubiera reinfecciones en ellos, situaciones que, de ser confirmadas, serían alarmantes ya que sugeriría que el virus permanecería en los ecosistemas silvestres (Mallapaty 2022).



Figura 2. Roedores como posibles hospederos de virus zoonótico.

Conclusiones

Algunas especies de animales silvestres son susceptibles al *SARS-CoV-2* y pueden transmitirlo hacia otras especies. La antropización de los ecosistemas facilita la transmisión de agentes patógenos, como el *SARS-CoV-2*, entre animales silvestres, domésticos y el propio ser humano.

Agradecimientos

Fondo para el Desarrollo del Conocimiento (FONDEC) No. FNV-2021-02. Universidad Autónoma de Querétaro (UAQ).

1Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Veracruzana, Tuxpan, Veracruz, México.

2 Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Xalapa, Veracruz, México.

3 C.A. Ecología y Diversidad Faunística, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro, Santiago de Querétaro, México

4 C.A. Salud Animal y Microbiología Ambiental, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro, Santiago de Querétaro, México.

* gabriela.aguilar@uaq.mx

Sánchez-Montes S, Colunga-Salas P, Aguilar-Tipacamú G, López-González CA, Mosqueda J. 2022. La fauna silvestre y la COVID-19 ¿y ahora qué? *Bioagrociencias* 15(1S): 48-54.

Referencias

- Ahmad T, Khan M, Haroon- Musa TH, Nasir S, Hui J, Bonilla-Aldana DK y Rodriguez-Morales AJ. 2020. COVID-19: Zoonotic aspects. *Travel medicine and infectious disease* 36: 101607.
- Animal and Plant Health Inspection Service, U.S Department of Agriculture. Cases of SARS-CoV-2 in animals in the United States. Fecha de consulta 10/05/2022 en <https://www.aphis.usda.gov/aphis/dashboards/tableau/sars-dashboard>
- Chomel BB, Belotto A y Meslin FX. 2007. Wildlife, exotic pets, and emerging zoonoses. *Emerging infectious diseases* 13 (1): 6–11.
- Damas J, Hughes GM, Keough KC, Painter C.A, Persky NS, Corbo M, Hiller M, Koepfli KP, Pfenning AR, Zhao H, Genereux DP, Swofford R, Pollard KS, Ryder OA, Nweeia, MT, Lindblad-Toh K, Teeling EC, Karlsson EK y Lewin HA. 2020. Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. *Proceedings of the National Academy Sciences of the United States of America* 117 (36): 22311–22322
- Jo WK, de Oliveira-Filho EF, Rasche A, Greenwood AD, Osterrieder K y Drexler JF. 2021. Potential zoonotic sources of SARS-CoV-2 infections. *Transboundary and emerging diseases* 68 (4): 1824–1834.
- Jones BA, Grace D, Kock R, Alonso S, Rushton J, Said MY, McKeever D, Mutua F, Young J, McDermott J y Pfeiffer DU. 2013. Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110 (21): 8399–8404.
- Kiros M, Andualem H, Kiros T, Hailemichael W, Getu S, Geteneh A, Alemu, D y Abegaz WE. 2020. COVID-19 pandemic: current knowledge about the role of pets and other animals in disease transmission. *Virology Journal* 17 (1): 143–150.
- Lam SD, Bordin N, Waman VP, Scholes HM, Ashford P, Sen N, Van Dorp, L, Rauer C, Dawson NL, Pang C, Abbasian M, Sillitoe I, Edwards S, Fraternali F, Lees JG, Santini JM y Orengo CA. 2020. SARS-CoV-2 spike protein predicted to form complexes with host receptor protein orthologues from a broad range of mammals. *Scientific reports* 10 (1): 16471.
- Leroy EM, Ar Gouilh M y Brugère-Picoux, J. 2020. 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* (Amsterdam, Netherlands) 10: 100133.
- Lytras S, Xia W, Hughes J, Jiang X y Robertson DL. 2021. The animal origin of SARS-CoV-2. *Science* 373 (6558): 968-970.
- Mallapaty S. 2022. COVID is spreading in deer. What does that mean for the pandemic?. *Nature* 604 (7907): 612-615.
- Meekins DA, Gaudreault NN y Richt JA. 2021. Natural and Experimental SARS-CoV-2 Infection in Domestic and Wild Animals. *Viruses* 13 (10): 1993.
- Murphy HL y Ly H. 2021. Understanding the prevalence of SARS-CoV-2 (COVID-19) exposure in companion, captive, wild, and farmed animals. *Virulence* 12 (1): 2777-2786.
- Olival KJ, Cryan PM, Amman BR, Baric RS, Blehert DS, Brook CE, Calisher CH, Castle KT, Coleman J, Daszak P, Epstein JH, Field H, Frick WF, Gilbert AT, Hayman D, Ip HS, Karesh WB, Johnson CK, Kading RC, Kingston T et al. 2020. Possibility for reverse zoonotic transmission of SARS-CoV-2 to free-ranging wildlife: A case study of bats. *PLoS pathogens* 16 (9): 1008758.
- Secretaria de Salud. 2022. Informe Integral de COVID-19 en México. Número 03-2022/9 de febrero de 2022. Fecha de consulta: 10/05/2022 en https://coronavirus.gob.mx/wp-content/uploads/2022/02/Info-03-22-Int_COVID-19_16feb22.pdf
- Wu L, Chen Q, Liu K, Wang J, Han P, Zhang Y, Hu Y, Meng Y, Pan X, Qiao C, Tian S, Du P, Song H, Shi W, Qi J, Wang HW, Yan J, Gao GF y Wang Q. 2020. Broad host range of SARS-CoV-2 and the molecular basis for SARS-CoV-2 binding to cat ACE2. *Cell discovery* 6: 68.
- Zhai X, Sun J, Yan Z, Zhang J, Zhao J, Zhao Z, Gao Q, He WT, Veit M y Su S. 2020. Comparison of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Spike Protein Binding to ACE2 Receptor from Human, Pets, Farm Animals and Putative Intermediate Hosts. *Journal Virology* 94 (15): e00831-20.