



*Asesorías y Tutorías para la Investigación Científica en la Educación Puig-Salabarría S.C.
José María Pino Suárez 400-2 esq a Lerdo de Tejada, Toluca, Estado de México. 7223898473*

RFC: ATI120618V12

Revista Dilemas Contemporáneos: Educación, Política y Valores.

<http://www.dilemascontemporaneoseducacionpoliticayvalores.com/>

Año: VIII Número: 1 Artículo no.:61 Período: 1 de Septiembre al 31 de diciembre, 2020

TÍTULO: Animales silvestres como fuente de transmisión del coronavirus COVID-19.

AUTORES:

1. PhD. Raúl González Salas.
2. Máster. Mildre Mercedes Vidal del Río.
3. Máster. Iván Pimienta Concepción.

RESUMEN: Se realiza una revisión de las fuentes bibliográficas donde se destaca el papel de los animales silvestres y otras especies como fuente de transmisión del coronavirus COVID-19, pandemia que se ha convertido en una emergencia a nivel mundial. En teoría es posible que el virus SARS-CoV-2 conserve la capacidad de infectar a muchos mamíferos, incluidos pangolines, perros, gatos y hámster chino. En la evolución de la epidemia por SARS-CoV-2 resalta el murciélago como principal reservorio, en tanto se mantienen en estudio varias especies de animales silvestres. No hay indicios de que los animales de compañía, especialmente perros y gatos sean una fuente de infección para humanos.

PALABRAS CLAVES: Coronavirus, Transmisión, Zoonosis.

TITLE: Wild animals as a source of transmission of the new coronavirus COVID-19.

AUTHORS:

1. PhD. Raúl González Salas.
2. Máster. Mildre Mercedes Vidal del Río.
3. Máster. Iván Pimienta Concepción.

ABSTRACT: A review of the bibliographic sources is carried out, highlighting the role of wild animals and other species as a source of transmission of the coronavirus COVID-19, a pandemic that has become a worldwide emergency. Theoretically, the SARS-CoV-2 virus may retain the ability to infect many mammals, including pangolins, dogs, cats, and Chinese hamsters. In the evolution of the SARS-CoV-2 epidemic, the bat stands out as the main reservoir, while several species of wild animals are being studied. There is no indication that companion animals, especially dogs and cats, are a source of infection for humans.

KEY WORDS: Coronavirus, Transmission, Zoonosis.

INTRODUCCIÓN.

Los animales silvestres son integrantes indispensables de los ecosistemas, fuente de alimento, reconstrucción de bosques, fertilización de suelos, fines medicinales, comerciales y culturales (Allocati et al. 2016). Estas especies se encuentran amenazadas o sujetas a una fuerte presión por causas antrópicas (Estrada, et al. 2018); sin embargo, crece la preocupación por los posibles daños que las enfermedades zoonóticas pueden causar a la salud humana.

La fauna silvestre es una fuente de patógenos emergentes que en determinados periodos y según las variaciones ecológicas, socioeconómicas o demográficas puede afectar a un elevado número de personas (Cunningham et al. 2017).

Se ha demostrado, que los murciélagos constituyen reservorios de virus zoonóticos con elevado perfil de patogenicidad entre los que destacan Hendra, paramixovirus, filovirus, Nipah y coronavirus similares al SARS y MERS con altas tasas de mortalidad (Daszak et al 2000).

La OMS (2019) reportó la manifestación de 1483 brotes epidémicos en 172 países entre los años 2011 y 2018 vinculados a enfermedades potencialmente epidémicas como el Ébola, el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS), el Síndrome Respiratorio de Oriente Medio (MERS), el Zika, la fiebre amarilla y más recientemente el SARS Cov- 2, conocido como Covid- 19 (Aragón et al. 2019).

Los coronavirus pertenecen a la familia Coronaviridae, orden Nidovirales, distinguiéndose por su envoltura de ARN en sentido positivo, no segmentados, con amplia distribución en humanos y otros mamíferos causando diversas afecciones que en orden progresivo ocasionan la gripe común (Huang, 2020) y en procesos más graves la muerte, iniciando la más reciente epidemia en un mercado mayorista de mariscos de Huanan, en Wuhan, China. El agente causal de este brote fue identificado como una novel beta coronavirus, al que se le denominó 2019 Nuevo Coronavirus (2019n-CoV) (Inca & Inca, 2020).

El brote de COVID 19 fue declarado Emergencia Internacional de Salud Pública debido a la rápida propagación del virus el 30 de enero de 2020 (Nature, 2020), según reportes de la OMS se han confirmado 3 059 642 casos en todo el mundo de infección por SARS-CoV-2, y 211 028 personas han muerto por COVID 19. En América Latina, el total de casos confirmados asciende a 1.246.190 y hasta el 29 de abril de 2020 se informan 65.228 personas fallecidas (PAHO, 2020).

Entre los animales silvestres con más probabilidades de ser huéspedes intermediarios se encuentran algunos tipos de serpientes y un mamífero denominado pangolín (Reina, 2020). El mecanismo para el desarrollo del coronavirus estriba en la combinación con una cepa procedente del murciélago y otra cepa procedente de serpientes con hábitat en la zona epidémica, aspecto que ha favorecido al

nuevo virus en la adquisición de la capacidad para infectar al ser humano (Ji, et al. 2020). Los análisis metagenómicos realizados al pangolín de Malasia han corroborado secuencias filogenéticas relacionadas con el SARS-CoV-2(Lam, et al. 2020).

En referencia a las mascotas, no hay evidencias que le confieran un papel clave en la transmisión del SARS-CoV-2, por lo que se trata aún de completar evidencias para la comprensión de la afectación en los humanos. Se han reportado casos aislados en tigres, gatos, perros (Cheng, 2020), los cuales han mostrado signos clínicos que requieren un mayor número de estudios para ser corroborados.

Se desconocen muchos aspectos virológicos, epidemiológicos y clínicos de esta infección, por ello a medida que aparezcan nuevos estudios se podrán ir actualizando nuestro conocimiento. Una vez más nos enfrentamos a una nueva pandemia viral sin antivirales específicos ni vacuna, y de nuevo solamente las recomendaciones epidemiológicas clásicas (aislamiento, vigilancia y seguimiento) permitirán hacerle frente como ha ocurrido en otras situaciones parecidas.

Esta investigación está encaminada a fundamentar los aspectos principales de la zoonosis causada por el COVID-19 y el rol de los animales silvestres y otras especies como fuente de transmisión viral.

DESARROLLO.

Metodología.

Se realizó una revisión de las fuentes de información referentes a revistas indexadas en Scielo, Redalyc, Elsevier, Springer, que aportaron el conocimiento obtenido referente al papel que desempeñan los animales silvestres y otras especies como fuente de transmisión del coronavirus COVID-19 utilizando a la vez buscadores como Google Académico y plataformas como Publish or Perish para enriquecer esta investigación.

A su vez se indagó en bases de datos como PUBMED y MEDLINE, consultando aleatoriamente los boletines de alertas epidemiológicas de organizaciones como la Organización Mundial de la Salud y la Organización Panamericana de la Salud.

Resultados.

Susceptibilidad de los felinos y otros animales domésticos al SARS-CoV-2.

La evidencia muestra que existe un aumento de los casos de infección natural y experimental por SARS-CoV-2 en felinos, incluidos los gatos, tigres y leones, adicionalmente crece la preocupación por su susceptibilidad y papel en los ciclos urbanos de transmisión del virus, que inicialmente fue de humanos a animales y no se descarta la transmisión inversa (Aldana et al. 2020).

Existe preocupación internacional por nuevos reportes que involucran a dos gatos afectados por SARS-CoV-2 (Mallapaty, 2020), se considera que esta especie replica eficientemente este tipo de virus, en tanto que los pollos, patos, cerdos y perros lo replican mal (Jianzhong et al, 2020).

Durante el brote de SARS-CoV del año 2003, se encontró que los gatos que vivían en contacto cercano con personas con SARS eran positivos para SARS-CoV (Abbott, 2003). Afectaciones por coronavirus procedentes del murciélago, relacionado con HKU2, provocaron un síndrome de diarrea aguda fatal en cerdos en el año 2018, se destaca que la secuencia del genoma es 98.48% idéntico a la secuencia del coronavirus de murciélago (Zhou et al. 2018)

Un estudio desarrollado por Martina et al., (2003) evaluó la susceptibilidad de los gatos domésticos (*Felis domesticus*) a la infección por SARS-CoV. Los experimentos realizados corroboran la infección y diseminación viral, con la ausencia de signos clínicos. También se pudo conocer que los gatos infectados transmiten la enfermedad a animales susceptibles que viven en contacto cercano con ellos. Otro estudio involucra a gatos y hurones, expresándose que el virus SARS-CoV-2 en los hurones se replica en el tracto respiratorio superior sin causar signos de enfermedad severa o

muerte, resultados similares se obtuvieron en gatos, demostrándose de forma experimental la transmisión de virus entre individuos a través de microgotas de la respiración, aunque en el experimento, solo uno de tres animales expuestos, sanos, resultó infectado, con algunos interrogantes respecto de la disposición de las jaulas y la distancia entre ellas.

Predicción del rango potencial de huéspedes del SARS-CoV-2.

El SARS-CoV-2 codifica al menos cuatro proteínas estructurales principales: la proteína de membrana (M), la proteína espiga (S), la proteína de la nucleocápside (N) y la proteína de envoltura (E). La proteína S, que es una glicoproteína tipo I, sobresale de la superficie del virus y anticipadamente puede relacionarse a la célula huésped. La proteína S ha suscitado gran atención debido a su función en la unión al receptor (Wu et al., 2020).

Según Zhou et al. (2020), la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) humano promueve la entrada de SARS-CoV-2 en las células, aspecto que permite expresar que el dominio de unión al receptor (RBD) de SARS-CoV-2 interactúa con ACE2 humano y definir que ACE2 interviene como el receptor para SARS-CoV-2 (Letko et al, 2020).

Los avances en la predicción se han enmarcado en la interacción existente entre RBD de SARS-CoV-2 / SARS-CoV y ACE2 de mamífero, por medio de la alineación de la secuencia de aminoácidos clave que se unen a RBD en ACE2. En teoría es posible que SARS-CoV-2 / SARS-CoV conserve la capacidad de infectar a muchos mamíferos, incluidos pangolines, perros, gatos y hámster chino si se tiene en cuenta la potencial interacción entre la proteína S y el ACE2 de mamíferos (Zhou et al., 2020).

Se considera que los mamíferos cuyo ACE2 podría unirse a la proteína S del SARS-CoV-2 y el SARS-CoV son *Homo sapiens*, *Macaca mulatta*, *Paguma larvata*, *Rhinopithecus roxellana*, *Rhinolophus sinicus*, *Mustela erminea*, *Sus scrofa*, *Rhinolophus macrotis*, *Canis lupus familiaris*,

Rousettus leschenaultii, Manis javanica (pangolin), Mustela putorius furo, Pteropus vampyrus, Felis catus, Equus caballus, Rhinolophus pearsonii, Pan troglodytes, O scrofla domesticus cuniculus, Pongo abelii, Papio Anubis, Bos taurus, Callithrix jacchus, Ovis aries, Phodopus campbelli, Sus scrota domestica, Ictidomys tridecemlineatus, Vulpes vulpes, Heterocephalus glaber, Mesocricetus auratus y Cricetulus griseus (hámster chino). En otros mamíferos, se ha observado que el ACE2 no puede unirse a la proteína S del SARS-CoV-2 y el SARS-CoV incluyeron Procyon lotor, Camelus dromedarius, Rhinolophus ferrumequinum, Mus musculus, Rattus norvegicus, Loxodonta africana, Erinaceus europaeus suricata Ornithorhynchus anatinus, surctereutes, Nyctereutes, surctereutes proicatica, Cavia porcellus y Dipodomys ordii (Zhou et al., 2020).

Algunas mascotas, como el gato (Felis catus) y el perro (Canis lupus familiaris), potencialmente reconocen la proteína S, aspectos contrastados al entrar en contacto los residuos genéticos con cepas del 2019-CoV resultando reacciones efectivas que los sitúan como posibles huéspedes intermedios, lo que indica la importancia de controlar a las mascotas para detectar la infección por SARS-CoV-2 (Wan et al., 2020).

Las secuencias proteicas y el análisis filogenético de la enzima convertidora de la angiotensina-2 (ACE2, angiotensin-converting enzyme 2) por escisión proteolítica de la angiotensina 1 – el principal receptor de SARS-CoV-2 en humanos (Wan et al. 2020) han permitido identificar que hospedadores intermediarios como serpientes, algunas tortugas, y especialmente se señalan a los pangolines como principales involucrados (Liu et al. 2020) para el salto final al hombre en el proceso evolutivo; sin embargo, el papel epidemiológico de estas especies, aún está en duda (Li et al. 2020).

La interpretación de estos datos genéticos requiere precaución, pese a que los estudios arrojan un grupo de hipótesis importantes sobre el origen del virus; es por esta razón, que para declarar que un animal es reservorio de un virus es necesario cumplir una serie de requisitos desde el punto de vista

genético y epidemiológico, ya que resulta insuficiente para esta confirmación la prueba de similitud genética entre virus.

Especies animales con mayor probabilidad en la transmisión del SARS-CoV-2.

El SARS-CoV-2 que inicialmente fue reconocido de forma provisional como 2019-nCoV estaba estrechamente relacionado con dos coronavirus similares al síndrome respiratorio agudo severo derivado del murciélago (SARS), bat-SL-CoVZC45 y bat-SL-CoVZXC21, recolectados en 2018 en Zhoushan, este de China (Lu et al., 2020).

Algunos estudios realizados muestran una homología del 96,2% entre el ARN de SARS-Cov-2 y el del otro β -coronavirus (Bat-CoV-RaTG13) presente en poblaciones de murciélagos de herradura (*Rhinolophus affinis*) en la provincia de Yunnan, en China (Zhou et al. 2020). Sin embargo, existen diferencias en más de 1100 nucleótidos (nt) con el SARS-CoV-2, por lo que existen dudas acerca del origen inmediato, este aspecto dirige la atención hacia la posible evolución en otro hospedador intermediario que podría haber intervenido en el salto de la barrera de especie y la transmisión al hombre.

En un ensayo con nueve pacientes se realizó la secuenciación del genoma de 2019-nCov, se destaca que estas personas estaban en el grupo de mayor gravedad, detectados al inicio de la epidemia, pudiéndose constatar que este genoma está más estrechamente relacionado con algunos betacoronavirus de origen murciélago, lo que indica que estos animales son los posibles huéspedes reservorios de este patógeno viral emergente (Lu et al., 2020).

Investigadores de Friedrich-Loeffler-Institut evidenciaron la ausencia de susceptibilidad de pollos y cerdos a la infección intranasal por SARS-CoV-2 en condiciones experimentales, demostrando que el murciélago egipcio de la fruta (*Rousettus aegyptiacus*) es capaz de desarrollar una infección en el

tracto respiratorio de carácter transitorio posterior a la inoculación intranasal del virus. A su vez, las predicciones filogenéticas descartan que SARS-CoV-2 pueda afectar a reptiles, peces o aves.

Wang et al., (2020) plantean que el huésped natural de los coronavirus SARS y MERS altamente patógenos es el murciélago, y también plantean que los murciélagos son los huéspedes naturales del SARS-CoV-2 según el análisis de secuencia genómica. Dado que el SARS-CoV-2 está genéticamente cerca del SARS-CoV, se ha propuesto que el murciélago podría ser el huésped natural (Phan, 2020)

Discusión.

Un denominador común en todos los casos en que han resultado animales positivos es que mantenían contacto estrecho con personas infectadas por SARS-CoV, aspectos descritos en el brote epidémico ocurrido en el periodo 2002 – 2003 por el SARS-CoV; sin embargo, este brote no tuvo ninguna trascendencia epidemiológica.

Los estudios para determinar el riesgo de contaminación ambiental han recibido un gran impulso en la actualidad a partir del reporte de nuevos casos de transmisión del virus del hombre a los animales en cuatro granjas para la cría de visones, los cuales resultaron sintomáticos a la infección por SARS-CoV-2 en un gran porcentaje. Otros estudios encaminados a preservar la salud animal involucraron las muestras de 4.000 perros, gatos y caballos procedentes de EE. UU. y Corea del Sur, aplicándose test PCR para la detección de SARS-CoV-2, en estos pesquizajes se incluyeron áreas con un alto porcentaje de individuos positivos a COVID-19) sin resultados positivos.

Los estudios serológicos y virológicos han indicado que las civetas de palmera enmascaradas (*Paguma larvata*), perros mapaches (*Procyonoides Nyctereutes*) y los tejones de hurón chinos (*Melogale moschata*) son susceptibles a la infección con un virus que es muy similar a SARS-CoV-2. También se reportó que los gatos domésticos que viven en el bloque de apartamentos Amoy

Gardens en Hong Kong, donde más de 100 residentes contrajeron SARS el año pasado, también estaban infectados con este virus (Guan et al., 2003).

Un gran número de las proteínas codificadas están catalogadas con una identidad de secuencia alta entre 2019-nCoV y los coronavirus derivados de murciélagos, siendo la excepción la proteína espiga con un 80% de identidad de secuencia, y la proteína 13 con 73,2% de identidad de secuencia (Lu et al., 2020).

La información que se tiene hasta el momento en relación con los gatos pertenecientes a pacientes diagnosticados con SARS-CoV-2 permite considerar que la transmisión del humano a los animales es frecuente y que solo en otros brotes como el del SARS-1 hubo transmisión de los animales al humano

Las investigaciones científicas que se desarrollan en la actualidad en relación con el SARS-CoV-2 están centradas en líneas muy definidas dirigidas a la transmisión, sus principales hospederos intermediarios, sus principales fómites, la posible transmisibilidad a través de animales domésticos más comunes (perros, gatos, pájaros), orientando a las agencias de noticias a no difundir información que no esté validada los científicos (Ristow, et al., 2020).

CONCLUSIONES.

Las enfermedades zoonóticas son un desafío permanente a la seguridad en materia de Salud Pública global, escenario que requiere de medidas consistentes de prevención y respuesta eficaz y oportuna para enfrentar epidemias que pueden llegar a derivar en pandemias. Las investigaciones realizadas en animales silvestres y domésticos refieren casos aislados y las estadísticas muestran que no hay indicios de que los animales de compañía, especialmente perros y gatos sean una fuente de infección para humanos,

En la evolución de la epidemia por SARS-CoV-2 resalta el murciélago como principal reservorio, se mantienen en estudio varias especies de animales silvestres entre los que se citan un mamífero denominado pangolín y algunos tipos de serpiente. Entre los animales silvestres con más probabilidades de ser huéspedes intermediarios se encuentran algunos tipos de serpientes y

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.

1. Allocati, N., Petrucci, A. G., Di Giovanni, P., Masulli, M., Di Ilio, C., & De Laurenzi, V. (2016). Bat–man disease transmission: zoonotic pathogens from wildlife reservoirs to human populations. *Cell death discovery*, 2(1), 1-8.
2. Abbott A. (2003). Pet theory comes to the fore in fight against SARS. *Nature*.
3. Aragón Nogales, R., Vargas Almanza, I., & Miranda Novales, M. G. (2019). COVID-19 por SARS-CoV-2: la nueva emergencia de salud. *Rev Mex Pediatr*, 86(6), 213-218.
4. Aldana, K. B., Ruiz, J. S., Martínez, M. G., Ruchi, T., Kuldeep, D., Jaimes, J. A., Rodríguez, M. A. (2020). Concerns on the Emerging Research of SARS-CoV-2 on Felines: Could They be significant Hosts/Reservoirs? *Pure Appl. Microbiol.*, May 2020; 14 (Special Edition).
5. Cheng, L. (2020). South China Morning Post. 19 de marzo de 2020. Coronavirus: Hong Kong confirma que un segundo perro está infectado. <https://www.scmp.com/news/hong-kong/health-environment/article/3075993/coronavirus-hong-kong-confirms-second-dog>
6. Cunningham, A. A., Daszak, P., & Wood, J. L. (2017). One Health, emerging infectious diseases and wildlife: two decades of progress?. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372(1725), 20160167.
7. Daszak P, Cunningham AA, Hyatt AD. (2000). Emerging infectious diseases of wildlife—threats to biodiversity and human health. *Science* 287, 443–449.

8. Estrada Portillo, D. S., Rosas Rosas, O. C., Parra Inzunza, F., Guerrero Rodríguez, J. D. D., & Tarango Arámbula, L. A. (2018). Valor de uso, importancia cultural y percepciones sobre mamíferos silvestres medianos y grandes en la Mixteca Poblana. *Acta zoológica mexicana*, 34.
9. Guan, Y., Zheng, B., He, Y., Liu, X., Zhuang, Z.X., Cheung, C.W., Li, P., Zhang, L., Guan, J, Butt, K.M., Wong, K, Lim, W., Shortridge, K.F., Yuen, K., Peiris, J.S., Poon, L.M. (2003). Isolation and Characterization of Viruses Related to the SARS Coronavirus from Animals in Southern China. *Science*; 302 (5643): 276–278.
10. Huang, C.Y. Wang, X. Li, L. Ren, J. Zhao, Y. Hu, et al. (2020). Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*, 395, pp. 497-506.
11. Inca, G. P., Inca, A. C. (2020). Evolución de la enfermedad por coronavirus (COVID-19) en Ecuador. *La Ciencia al Servicio de la Salud*, 11(1), 5-15.
12. Ji W, Wang W, Zhao X, Zai J, Li X. (2020). Homologous recombination within the spike glycoprotein of the newly identified coronavirus 2019-nCoV may boost cross-species transmission from snake to human. *J Med Virol.*, Apr; 92(4):433-440.
<http://doi.org/10.1002/jmv.25682>, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31967321>
13. Jianzhong S, Zhiyuan W, Gongxun Z, Huanliang Y, Chong W, Renqiang L, Xijun E, Lei S, Ziruo S, Yubo Z, Libin L, Pengfei C, Jinliang W, Xianfeng Z, Yuntao G, Hualan C, Zhigao B. (2020) Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and different domestic animals to SARS-coronavirus-2. bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.03.30.015347>
14. Lam, T. T. Y., Shum, M. H. H., Zhu, H. C., Tong, Y. G., Ni, X. B., Liao, Y. S., ... & Leung, G. M. (2020). Identification of 2019-nCoV related coronaviruses in Malayan pangolins in southern China. *BioRxiv*.

15. Letko, M., Marzi, A., Munster, V. (2020), Functional assessment of cell entry and receptor usage for SARS-CoV-2 and other lineage B betacoronavirus, *Nat Microbiol.*, <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0688-y>
16. Liu, Z. et al. (2020). Composition and divergence of coronavirus spike proteins and host ACE2 receptors predict potential intermediate hosts of SARS-CoV-2, *J Med Virol.*
17. Lu, R., Zhao, X., Li, J., Niu, P., Yang, B., Wu, H., ... & Bi, Y. (2020). Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *The Lancet*, 395(10224), 565-574.
18. Mallapaty S. (2020). Coronavirus can infect cats-dogs, not so much. *Nature.*
19. Martina BE, Haagmans BL, Kuiken T, et al. (2003). Virology: SARS virus infection of cats and ferrets. *Nature.*
20. *Nature* (2020). Coronavirus: the first three months as it happened. <https://www.nature.com/articles/d41586-020-00154-w>
21. PAHO (2020). Cumulative COVID-19 cases reported by countries and territories in the Americas. Pan American Health Organization. <https://who.maps.arcgis.com/apps/webappviewer/index.html?id=2203b04c3a5f486685a15482a0d97a87&extent=-17277700.8881%2C-1043174.5225%2C-1770156.5897%2C6979655.9663%2C102100>
22. Organización Mundial de la Salud [OMS]. (2019). Un mundo en peligro. Informe anual sobre preparación mundial para las emergencias sanitarias. OMS: https://apps.who.int/gpmb/assets/annual_report/GPMB_Annual_Report_Spanish.pdf
23. Phan, T. (2020). Genetic diversity and evolution of SARS-CoV-2. *Infection, Genetics and Evolution*, 81, 104260. DOI:10.1016/j.meegid.2020.104260 <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1567134820300915>

24. Reina J. (2020). El SARS-CoV-2, una nueva zoonosis pandémica que amenaza al mundo. *Vacunas* 144.
25. Ristow, L.E., Carvalho, O., & Gebara, R. R. (2020). COVID-19 in felines, their role in human health and possible implications for their guardians and health surveillance. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 29(2).
26. Wu, A., Peng, Y., Huang, B., Ding, X., Wang, X, Niu, P., Meng, J., Zhu, Z., Zhang, Z., Wang, J., Sheng, J., Quan, L., Xia, Z., Tan, W., Cheng, G., Jiang, T., (2020). Genome composition and divergence of the novel coronavirus (2019-nCoV) originating in China. *Cell Host & Microbe*.
27. Wan, Y., Shang, J., Graham, R., Baric, R.S., Li, F. (2020). Receptor recognition by novel coronavirus from Wuhan: an analysis based on decade-long structural studies of SARS, *J. Virol.* pii: JVI.00127-20.
28. Wang, C., Horby, P. W., Hayden, F. G., & Gao, G. F. (2020). A novel coronavirus outbreak of global health concern. *The Lancet*, 395(10223), 470-473.
29. Zhou, P., Yang, X. L., Wang, X. G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., ... & Chen, H. D. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *nature*, 579(7798), 270-273.
30. Zhou, P., Fan, H., Lan, T. et al. (2018). Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. *Nature*. Volume 556, pages255–258

DATOS DE LOS AUTORES.

1. **Raúl González Salas.** Doctor en Ciencias Veterinarias. Docente de la carrera de Medicina de la Universidad Regional Autónoma de Los Andes, UNIANDES-Ecuador. Email: rauljoelis68@gmail.com

2. Mildre Mercedes Vidal del Río. Doctora en Medicina Veterinaria. Docente de la carrera de Medicina de la Universidad Regional Autónoma de Los Andes, UNIANDES-Ecuador.

Email: mrio Vidal69@gmail.com

3. Iván Pimienta Concepción. Doctor en Medicina-Especialista en Cirugía General. Docente de la carrera de Medicina de la Universidad Regional Autónoma de Los Andes, UNIANDES-Ecuador.

Email: dr.ivan.pimienta@gmail.com

RECIBIDO: 10 de junio del 2020.

APROBADO: 12 de julio del 2020.