

SARS-CoV-2/COVID/19 EM ANIMAIS DE COMPANHIA

**L. C. KREUTZ^{1*}; E. F. FLORES²; J. CARGNELUTTI²; A. HENZEL³; D. ANZILIERO⁴;
M. C. S. BRUM⁵; M. LIMA⁶; F. TORRES⁷; D. FRANCO⁸; S. A. M. OLIVEIRA⁹;
A. M. SILVA¹⁰**

A emergência de infecções por coronavírus em humanos já foi documentada diversas vezes nas últimas décadas. Estudos filogenéticos indicaram que os coronavírus humanos (*human coronavirus* - HCoV) de transmissão comunitária e de baixa patogenicidade, como o HCoV-229E e HCoV-OC43, nos anos de 1966/67, e do HCoV-HKU1 e HCoV-NL63, no ano de 2004, se originaram em morcegos e/ou roedores. Os coronavírus causadores das síndromes respiratórias agudas severas (*Severe acute respiratory syndrome* – SARS-CoV) originaram-se de morcegos e, possivelmente, infectaram humanos a partir de hospedeiros intermediários. O gato de algália (*Paguma larvata*) é o hospedeiro intermediário do SARS-CoV que emergiu no ano de 2002, e o camelo dromedário (*Camelus dromedarius*) é o hospedeiro intermediário do *Middle East respiratory syndrome* coronavírus (MERS-CoV), que surgiu em 2012. O hospedeiro intermediário do SARS-CoV-2 ainda é incerto, mas acredita-se que seja o pangolin (*Manis javalica*). O contato direto ou indireto de humanos com os hospedeiros intermediários, ou com suas secreções e excreções, ou ainda a manipulação e/ou consumo de carnes infectadas provavelmente permitiu o “salto” deste vírus para a espécie humana.

Os coronavírus são classificados em 4 gêneros distintos: alfa, beta, gama e delta coronavírus. Os morcegos e roedores são os principais reservatórios dos gêneros alfa e beta coronavírus e as aves são reservatórios dos gêneros gama e delta coronavírus. O material genético do coronavírus é uma molécula de RNA e a replicação do vírus ocorre no interior das células do hospedeiro e depende de uma enzima codificada pelo próprio vírion, denominada RNA polimerase. Dentre as principais características da RNA polimerase estão a baixa fidelidade (alta taxa de erros) na síntese das cópias do genoma e a incapacidade de corrigir erros de incorporação de nucleotídeos durante a geração da progênie viral, de tal forma que praticamente todo novo genoma incorporado no vírion recém-formado contém alguns nucleotídeos diferentes da molécula de RNA parental, ou seja, é um “mutante”. Essas mutações são aleatórias e na maioria das vezes irrelevantes, e se constituem no principal mecanismo de evolução de todos os tipos de vírus, principalmente vírus com material genético RNA. No entanto, as mutações que alteram a sequência de amino ácidos da estrutura da proteína viral responsável pela ligação do vírus com as células do hospedeiro podem conferir ao vírus a capacidade de infectar uma nova espécie animal.

Devido à ampla disseminação dos coronavírus em animais silvestres e domésticos, o surgimento de um “novo coronavírus” pode ser considerado um evento biologicamente possível e até previsível. O significado epidemiológico desses eventos, no entanto, é difícil de prever ou mensurar. A proximidade física do animal na qual a mutação ocorreu com um animal de outra espécie, que seja suscetível à infecção, é fundamental para que a transmissão interespecie ocorra. A posterior adaptação e disseminação do vírus mutante entre indivíduos da nova espécie é um evento biologicamente possível, mas provavelmente muito raro. No caso dos coronavírus, isso tem sido documentado desde a década de 1960 e os vírus emergentes apresentam morbidade e mortalidade distintas.

Em um cenário de pandemia no qual o vírus emergente se alastra rapidamente, é fundamental identificar espécies animais – silvestres e domésticas – suscetíveis à infecção pelo “novo” patógeno e, dessa forma, identificar possíveis espécies que possam contribuir na sua disseminação para humanos. A suscetibilidade de novos hospedeiros, animal ou humano, pode ser constatada pela detecção de anticorpos específicos no sangue (indicando exposição prévia ao agente) ou quando se detecta o próprio agente no organismo do animal (tecidos, secreções e excreções). Nesse contexto, anticorpos anti-SARS-CoV-2, indicativos de infecção prévia, já foram detectados em animais silvestres e domésticos, incluindo cães e gatos. E, mais importante ainda, a presença do vírus, decorrente da exposição à uma fonte

¹ Universidade de Passo Fundo (UPF). Autor para correspondência (lckreutz@upf.br)

² Universidade Federal de Santa Maria (UFSM)

³ Universidade Feevale

⁴ IMED

⁵ Universidade Federal do Pampa

⁶ Universidade Federal de Pelotas

⁷ Axys Análises, Porto Alegre/RS

⁸ Samitec, Santa Maria/RS

⁹ Icesp/UnB

¹⁰ UPIS, Brasília

de infecção, provavelmente humanos infectados, já foi identificada em animais silvestres (vison americano, leões, tigres, pumas, leopardos, gorilas e furões) e animais domésticos como cães e gatos. Até o presente, no entanto, o vison americano foi o único animal identificado que, após ser infectado por humanos, pode multiplicar o vírus em quantidade suficiente para transmitir e/ou reinfectar humanos.

Em relação aos animais domésticos, a presença do SARS-CoV-2 em cães e gatos foi identificada principalmente em lares ou ambientes onde havia pessoas infectadas e em quarentena. Nestes casos, o convívio e contato íntimo e constante permitiu a passagem do vírus das pessoas para estes animais. Nos cães e gatos o SARS-CoV-2 se multiplica principalmente no trato respiratório, mas a quantidade de vírus encontrada nas secreções é geralmente baixa e possivelmente insuficiente para uma transmissão que resulte em infecção de outros animais e humanos. Globalmente, o número de cães e gatos identificados com o vírus é extremamente pequeno em relação ao número total de cães e gatos expostos aos tutores infectados. Como o número de infecções de pessoas se encontra na casa das centenas de milhões, e parte significativa destas pessoas possui cães e gatos no seu ambiente doméstico, caso a infecção desses animais fosse algo frequente e relevante, já teríamos milhares (ou milhões) de casos relatados. A infecção de cães e gatos parece, portanto, acidental e epidemiologicamente questionável e pouco relevante. Além disso, mesmo que cães e gatos sejam infectados e multipliquem o vírus, não há nenhum relato científico de que possam transmitir o vírus para humanos. No entanto, gatos infectados podem, em condições experimentais, infectar outros gatos próximos e a replicação do SARS-CoV-2 é maior em gatos jovens (10 a 14 semanas) em comparação com gatos adultos (8 meses). A infecção de cães e gatos geralmente é assintomática ou eventualmente acompanhada de sinais gastrointestinais e respiratórios leves, como espirros, tosse, corrimento nasal e conjuntivite. A variante Britânica B.1.1.7, no entanto, foi recentemente encontrada em gatos com miocardite transitória.

Nesse contexto, considerando-se as evidências acumuladas até o presente, aconselha-se que tutores infectados permaneçam em isolamento de outras pessoas e mantenham distanciamento de seus pets. Durante o período de isolamento não se recomenda beijar ou abraçar os cães e gatos, não compartilhar louças, alimentos ou a cama de dormir e, ao manusear os cães e gatos, lavar as mãos com água e sabão e usar máscara. Além disso, tutores infectados deverão manter cães e gatos em isolamento. Em resumo, pelo conhecimento acumulado até o presente, a infecção de cães e gatos pelo SARS-CoV-2 é considerada um evento meramente acidental e sem significado epidemiológico evidente, seja em relação à transmissão para outros animais ou para a transmissão para pessoas. Desta forma, nesse momento, entendemos que a realização de testes de diagnóstico em cães e gatos não é necessária.

REFERENCES

- FERASIN, L.; FRITZ, M.; FERASIN, H.; BECQUARTS, P.; LEGROS, V.; LEROY, E. M. (2021) Myocarditis in naturally infected pets with the British variant of COVID-19. **bioRxiv**. Preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2021.03.18.435945>
- GHAI, R. R.; CARPENTER, A.; LIEW, A. Y.; MARTIN, K. B.; HERRING, M. K.; GERBER, S. I. et al (2021) Animal Reservoirs and Hosts for Emerging Alphacoronaviruses and Betacoronaviruses. **Emerging Infectious Diseases** v.27, n.4:1015-1022. <https://doi.10.3201/eid2704.203945>.
- GORBALENYA, A. E.; BAKER, S. C.; BARIC, R. S.; DE GROOT, R. J.; DROSTEN, C.; GULYAEVA, A. A. et al (2020). Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses. Consensus statement. The species *Severe acute respiratory syndrome related coronavirus*: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. **Nature Microbiology**, 2020, v.5: 536–544. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0695-z>
- HOSIE, M. J.; HOFMANN-LEHMANN, R.; HARTMANN, K.; EGBERINK, H.; TRUYEN, U.; ADDIE, D. D. et al (2021) Anthropogenic Infection of Cats during the 2020 COVID-19 Pandemic. **Viruses**, v.13, n.2:185. <https://doi.org/10.3390/v13020185>.