



## Los coronavirus: transmisión interespecie y potencial zoonótico

Teresa de Jesús López-Pérez<sup>1\*</sup>

 0000-0003-2225-7686

Jhony Anacleto-Santos<sup>1</sup>

 0000-0002-6538-9788

Elba Carrasco-Ramírez<sup>1</sup>

 0000-0002-1251-7993

Norma Rivera-Fernández<sup>1\*</sup>

 0000-0001-7306-2163

<sup>1</sup>Laboratorio de Apicomplexas  
Departamento de Microbiología y Parasitología,  
Facultad de Medicina, UNAM.  
Ciudad Universitaria, Coyoacán,  
CDMX 04510

\* Autores para correspondencia:  
Correo electrónico:  
normariv@unam.mx  
tere.lopez82@comunidad.unam.mx

### Resumen

Los coronavirus afectan la salud humana, así como la de una extensa variedad de especies animales como el ganado bovino y porcino, aves, animales silvestres, e incluso animales de compañía, también se han reportado infecciones en especies anfibias. Estos virus tienen afinidad por diferentes tejidos, especialmente por el del tracto respiratorio y gastrointestinal en la mayoría de los mamíferos. En las últimas décadas y en la pandemia (2019-2022) los brotes de coronavirus han tenido un origen zoonótico debido a: la naturaleza variable que tiene el genoma de ARN de estos virus, a otras interacciones virus-receptor y a la diversidad genética viral facilitada por una recombinación homóloga frecuente. El SARS-cov-2 se originó en civetas, pangolines y en el murciélago, una especie reservoria que también se identificó en los brotes de SARS-cov y MERS-CoV. Estos antecedentes advierten a la comunidad científica la importancia de realizar un monitoreo continuo de las variantes de los coronavirus.

**Palabras clave:** Zoonosis, Covs, Virus ARN, Infección viral

Recibido: 2022-10-03

Aceptado: 2022-11-09

Publicado: 2022-12-06

Información y declaraciones adicionales  
en la página 12

 Derechos de autor:

Teresa de Jesús López-Pérez *et al.* 2022

acceso abierto 



Distribuido bajo una Licencia Creative Commons  
Atribución 4.0 Internacional (CC-BY 4.0)

### Una forma de citar este artículo:

López-Pérez TJ, Anacleto-Santos J, Carrasco-Ramírez E, Rivera-Fernández N. Los coronavirus: transmisión interespecie y potencial zoonótico. Clínica veterinaria: abordaje diagnóstico y terapéutico. 2022;8:e85202287. doi: 10.22201/fmvz23958766e.2022.8.85.

# Coronaviruses: interspecies transmission and zoonotic potential

## Abstract

Coronaviruses affect not only humans, but a wide variety of animal species as well, such as bovine and swine cattle, birds, wild animals, and even companion animals; infections in amphibian species have also been reported. These viruses seem to prefer certain types of tissues, in most mammals for example, the respiratory and gastrointestinal tract. In recent decades and the pandemic (2019-2022) coronavirus outbreaks had a zoonotic origin due to different causes: the variable nature of the RNA genome of these viruses, other virus-receptor interactions, and a viral genetic diversity facilitated by frequent homologous recombination. SARS-cov-2 originated in civets, pangolins, and in the bat, a reservoir species also identified in SARS-cov and MERS-cov outbreaks. This background warns the scientific community of the importance of continuous monitoring of coronavirus variants.

*Keywords:* Zoonosis; Covs; Virus ARN; Viral infection.

---

## Introducción

Los coronavirus pertenecen al *phylum* Riboviria del orden Nidovirales, familia Coronaviridae, subfamilia Orthocoronavirinae, que se encuentra taxonómicamente dividida en cuatro grandes géneros: *Alfa*, *Beta*, *Delta* y *Gamma*.<sup>(1)</sup> Estos virus están mundialmente distribuidos en diversas especies de animales vertebrados que incluyen: camélidos, murciélagos, felinos, bovinos, caninos, aves y anfibios entre otras.<sup>(2,3)</sup> En los animales de compañía pueden causar infecciones respiratorias y digestivas e incluso complicaciones sistémicas.<sup>(4)</sup> A partir de 2020 se han identificado especies de murciélagos y aves que actúan como reservorios de *Alfa* y *Beta* coronavirus, y de *Gamma* y *Delta* coronavirus respectivamente, los cuales son capaces de infectar a mamíferos.<sup>(4,5)</sup>

Los coronavirus de origen zoonótico son los causantes de síndromes agudo-respiratorios en humanos que se han propagado a gran escala en las últimas décadas: síndrome respiratorio agudo severo (SARS-COV) en 2003, síndrome respiratorio del Medio Oriente (MERS-COV) en 2012 y síndrome respiratorio agudo severo 2 (SARS-COV-2) en 2019.<sup>(6)</sup> El origen de la reciente pandemia fue identificado por casos de neumonía en humanos en la ciudad de Wuhan, provincia de Hubei, China, a finales de diciembre de 2019.<sup>(7)</sup> Los contagios se expandieron rápidamente a 25 países para enero de 2020, cuando fue declarada la sexta emergencia de salud pública de importancia internacional, después de la influenza H1N1 (2009), la polio (2014), el ébola en África occidental (2014), el zika (2016) y el ébola en la República Democrática del Congo (2019).<sup>(8)</sup>

El origen del contagio de esta enfermedad todavía era desconocido, sin embargo, la teoría de que lo causaba un virus con potencial zoonótico, que para marzo de 2020 se propagó a 113 países y que, hasta febrero de 2022, ha registrado casos en más de 170 países. Esta pandemia se reporta como la más severa desde 2003, debido a su capacidad de transmisión de persona a persona facilitada por condiciones de salud preexistentes como diabetes, enfermedad pulmonar obstructiva crónica, enfermedades cardiovasculares, hipertensión, tumores malignos y el VIH, que podrían desarrollar una situación potencialmente mortal en algunos pacientes y por un amplio tropismo tisular.<sup>(9,10)</sup>

El SARS-COV-2, SARS-COV y MERS-COV se han identificado en murciélagos y al parecer tienen similitudes genéticas del 88–89% con otros virus de esta especie animal como: bat-SL-COVZC45 y bat-SL-COVZXC21. Sin embargo, aún con lo similares que sean en algunas regiones genómicas, existen mutaciones derivadas de la naturaleza variable del ARN. Así, los coronavirus tienen un alto potencial zoonótico y pueden tener efectos de salud pública graves.<sup>(11)</sup> Una mejor comprensión de la capacidad de transmisión entre especies y del intercambio de información genética, sobre todo en aquellos virus que afectan a los animales de compañía, son la base para desarrollar mejores estrategias de prevención.<sup>(3,12,13)</sup>

## Estructura, genoma y tropismo

Estructuralmente, los virus de la familia Coronaviridae están conformados por cuatro proteínas: glicoproteína spike o espiga (S), la envoltura o pentámero (E), proteína de membrana o matriz (M) y la nucleocápside (N). Debido a la disposición de la proteína espiga en su superficie, reciben el nombre de coronavirus —por la

Género	Abreviación	Especie	Enfermedad	Órganos/Sistema
<b>α</b> <b>Alfacoronavirus</b>	PEDV	Porcino	Diarrea Epidémica Porcina	Entérico
	TGEV	Porcino	Gastroenteritis transmisible	Entérico
	FIPV	Felino	Coronavirus felino/peritonitis infecciosa	Entérico
	CCoV	Canino	Coronavirus canino	Entérico
	PRCV	Porcino	Coronavirus respiratorio porcino	Respiratorio
	HCoV-229E	Humano	Gripe común	Respiratorio
	HCoV-NL63	Humano	Gripe común	Respiratorio
	Rh-BatCoV-HKU2	Murciélago	No descrito	No descrito
	Mi-BatCoV 1A	Murciélago	No descrito	No descrito
	Mi-BatCoV 1B	Murciélago	No descrito	No descrito
	Mi-BatCoV-HKU8	Murciélago	No descrito	No descrito
	Sc-BatCoV-512	Murciélago	No descrito	No descrito

Género	Abreviación	Especie	Enfermedad	Órganos/Sistema
<b>δ</b> <b>Deltacoronavirus</b>	BuCoV HKU11	Aviar	Coronavirus del bulbul	No descrito
	ThCoV HKU12	Aviar	Coronavirus del tordo	No descrito
	MunCoV HKU13	Aviar	Coronavirus del ave munia	No descrito
	PorCoV HKU15	Porcino	Coronavirus porcino	Entérico
	WECov HKU16	Aviar	Coronavirus de ave ojo blanco	No descrito
	SpCoV HKU17	Aviar	Coronavirus del gorrión	No descrito
	MRCov HKU18	Aviar	Coronavirus de la urraca Robin	No descrito
	NHCoV HKU19	Aviar	Coronavirus de garza nocturna	No descrito
	WiCoV HKU20	Aviar	Coronavirus de ánade silbón	No descrito
	CMCoV HKU21	Aviar	Coronavirus de gallina de agua	No descrito

Género	Abreviación	Especie	Enfermedad	Órganos/Sistema
<b>β</b> <b>Betacoronavirus</b>	HCoV-OC43	Humano	Resfriado común	Respiratorio
	MERS-CoV	Humano	Síndrome respiratorio del Medio Oriente	Respiratorio
	BCoV	Bovino	Diarrea del becerro, disenteria invernal, BRD	Entérico y respiratorio
	PHEV	Porcino	Emaciación crónica, encefalomielitis	Entérico y neurológico
	AntelopeCoV	Antilope	No descrito	No descrito
	GiCoV	Jirafa	No descrito	Entérico
	ECoV	Equino	Coronavirus equino	Entérico
	MHV	Ratón	Hepatitis del ratón	Hepático
	HCoV-HKU1	Humano	Resfriado común	Respiratorio
	RCov	Rata	Coronavirus de rata	Respiratorio
	SARS CoV	Humano	Síndrome severo agudo respiratorio	Respiratorio
	SARSr-CiCoV	Humano	Síndrome severo agudo respiratorio	Respiratorio
	SARSr-Rh-BatCoV HKU3	Murciélago	Transmisión en el Murciélago Herradura Rufo de China	No descrito
	SARSr CoV CFB	Humano	Síndrome severo agudo respiratorio	Respiratorio
	Ty-BatCoV-HKU4	Murciélago	No descrito	No descrito
	Pi-BatCoV-HKU5	Murciélago	No descrito	No descrito
	Ro-Bat-CoV HKU9	Murciélago	No descrito	No descrito

Género	Abreviación	Especie	Enfermedad	Órganos/Sistema
<b>γ</b> <b>Gammacoronavirus</b>	IBV	Pollo	Bronquitis infecciosa aviar	Respiratorio
	TCoV	Pavo	Enteritis coronaviral de los pavos	Entérico
	BWCoV-SW1	Ballena Beluga	Coronavirus de ballena Beluga	Hepático

Figura 1. Géneros y distribución de especies virales pertenecientes a la familia Coronaviridae en diversas especies animales (Adaptado de (3)).

palabra latina *corona* que significa 'corona' o 'guirnalda'. Estas proteínas comparten una alta similitud en su secuencia genómica (alrededor del 89%), sin embargo, en los análisis taxonómicos por secuenciación hay una alta variabilidad en el gen que codifica para la proteína s, pues comparte una identidad del 75 por ciento.<sup>(14)</sup>

Los coronavirus son virus ARN de cadena simple, envueltos, esféricos, que miden de 60 a 140 nm de polaridad positiva. Su genoma tiene una longitud aproximada de 30 000 nucleótidos (30 Kb), que comprende 14 marcos de lectura abiertos (ORFs). Contiene el 38% de guanina-citosina (GC) y 11 genes que codifican proteínas.<sup>(15)</sup> Dos terceras partes del genoma codifican para 16 proteínas no estructurales (Nsp 1-16) que se conoce como el complejo de replicación; otra tercera parte codifica para 9 proteínas: 5 accesorias (ORF3, ORF4a, ORF4b, ORF5 y ORF8) y 4 estructurales (S, E, M y N), que juegan un papel importante en la unión, fusión y entrada a la célula.<sup>(16)</sup> Recientemente se han considerado como blancos terapéuticos para el desarrollo de fármacos y vacunas.<sup>(5)</sup> Las funciones específicas tanto de las proteínas estructurales y no estructurales, involucradas en la replicación viral y el establecimiento de la enfermedad, se describen en los Cuadros 1 y 2.<sup>(17, 18)</sup>

La proteína espiga (s) se encuentra glicosilada y está compuesta de 1 273 aminoácidos (aa), se compone de dos subunidades: s1 y s2; consta de un extremo N extracelular, un dominio transmembranal (TM) y un segmento c-terminal intracelular.<sup>(19)</sup> En la subunidad s1, hay un dominio N-terminal y un dominio de unión al receptor (RBD). RBD demuestra ser un objetivo crítico para los anticuerpos neutralizantes (nAbs), ya que algunos estudios reportan que existen diferencias antigénicas entre variantes del SARS-CoV-2 y otras especies de coronavirus.<sup>(20)</sup>

El RBD de los coronavirus puede reconocer el mismo receptor en diversas especies animales, y con ello, se facilita el salto de barrera de especies y su rápida adaptación a una nueva especie huésped. Además de otras interacciones virus-receptor, la selección evolutiva, la diversidad genética viral (consecuencia de mutaciones puntuales provocadas por errores de la polimerasa) y la recombinación homóloga frecuente entre diferentes cepas y especies de coronavirus permiten la coinfección dentro de una misma célula huésped.<sup>(21)</sup> Comparado con otros virus de ARN monocatenario, las tasas de mutación de los coronavirus son de moderadas a altas, a pesar de la función de corrección de la exonucleasa viral.<sup>(18)</sup>

La proteína s es la más abundante en la superficie del virus y es la que se une a la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2), un receptor de la célula huésped. Cuando la proteína s se une al receptor, la proteasa TM serina 2 (TMPRSS2) promueve la entrada del virus en la célula al activar la proteína s. Una vez que el virus ingresa a la célula, se libera el ARN viral, las poliproteínas se traducen, el ARN viral se replica y las proteínas estructurales se sintetizan, se ensamblan y se empaquetan en la célula huésped para después liberar nuevas partículas virales que infectarán células más cercanas.<sup>(4)</sup>

SARS-CoV-2 tiene la capacidad de infectar eficientemente las células de las vías respiratorias altas en comparación con SARS-CoV, así como los tejidos nasofaríngeos y orofaríngeos por su mayor afinidad por ACE2.<sup>(22)</sup> ACE2 es una enzima importante en el sistema renina-angiotensina-aldosterona (SRAA), que se localiza en la superficie apical de las células epiteliales alveolares tipo II, en las células epiteliales de pulmón, intestino, corazón, vejiga, páncreas, riñón, nariz e incluso en ojo y cerebro. Dentro de sus funciones está encargada de regular la presión arterial y el equilibrio hídrico.<sup>(23, 24)</sup>

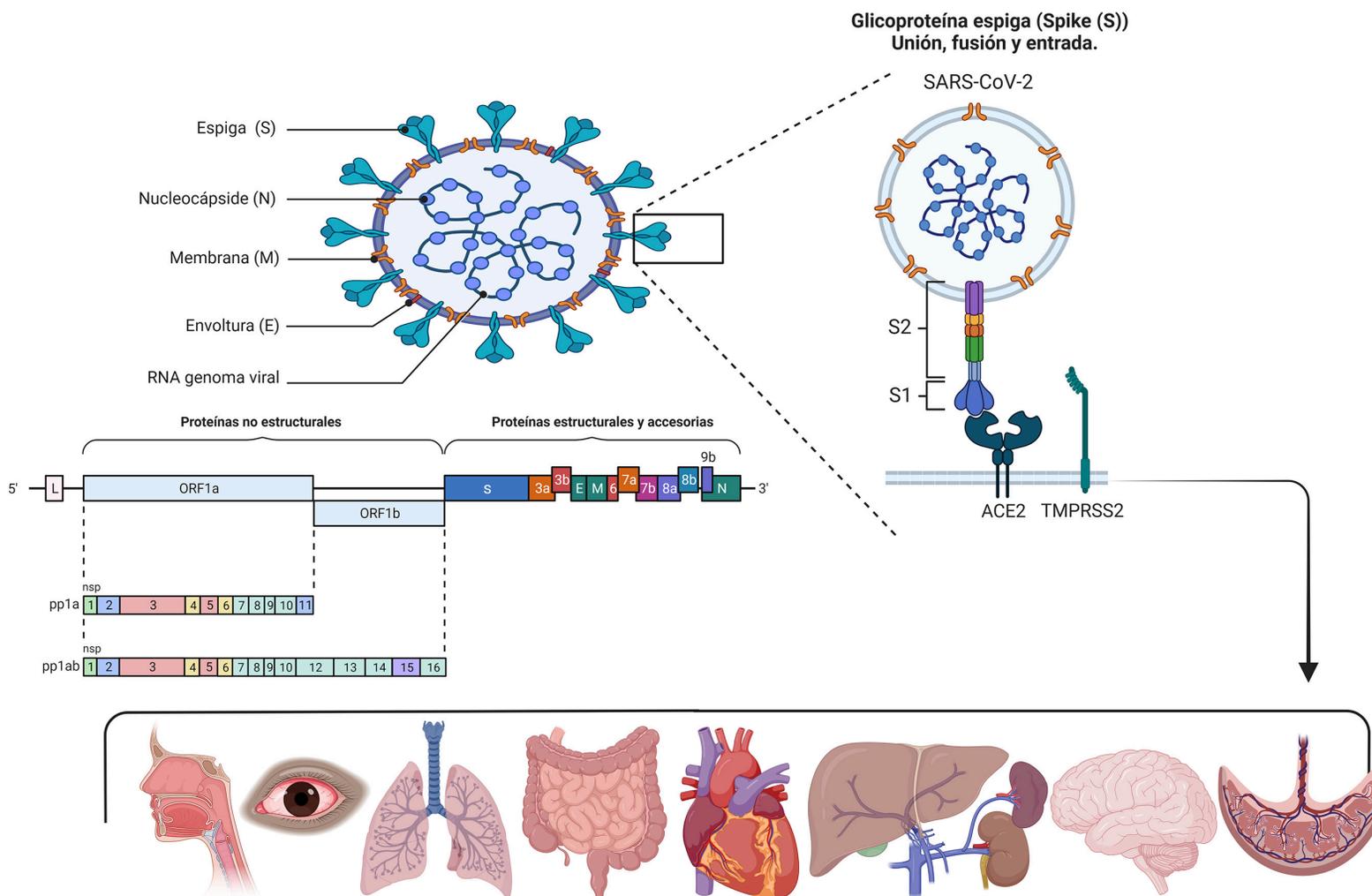
**Cuadro 1.** Proteínas estructurales de los coronavirus

Proteína	Función
Proteína de la nucleocápside (N)	Proteína multifuncional. Forma complejos con el genoma de RNA viral para formar la nucleocápside. Interactúa con las proteínas de membrana celular durante la replicación viral, especialmente en el ensamblado del virión. Incrementa la eficiencia de la transcripción viral.
Glicoproteína spike o espiga (S)	Involucrada en la unión al receptor de la célula huésped, facilita la fusión y la entrada.
Envoltura o pentámero (E)	Es la proteína en menor proporción de la envoltura viral. Interactúa con la proteína M de la envoltura viral, expresada abundantemente dentro de las células infectadas, sin embargo, solo una porción es incorporada en la envoltura del virión.
Proteína de matriz (M)	Organizadora central del ensamblaje, define la forma y la envoltura viral, responsable del transporte transmembranal y la liberación del virión.

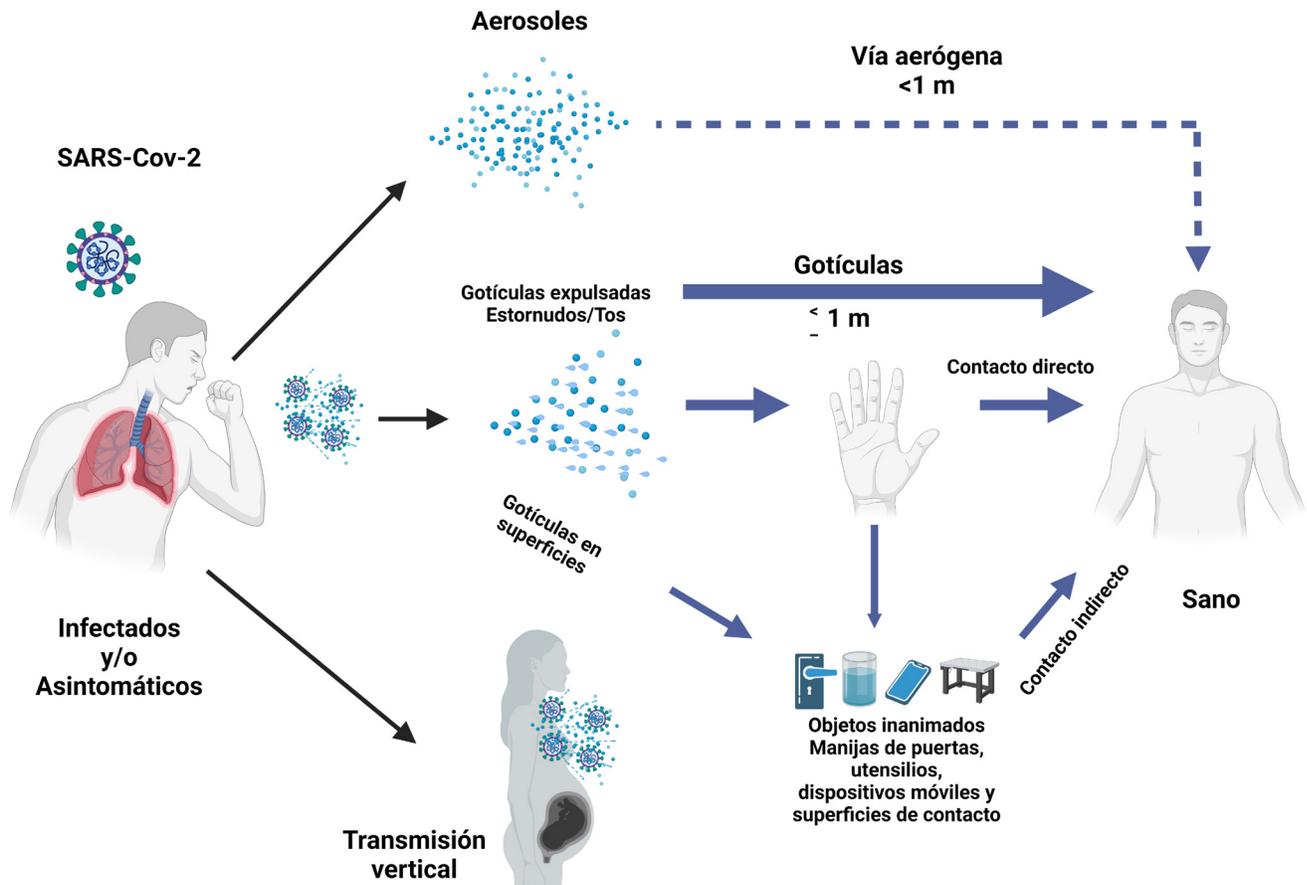
**Cuadro 2.** Proteínas no estructurales de los coronavirus (13)

Proteína	Función
Nsp1	Interviene en la replicación y el procesamiento del ARN viral. Proteína involucrada en la degradación de proteínas del huésped e inhibición de la traducción bloqueando el ARNm por su interacción con las subunidades 40s del complejo precebador 43s.
Nsp2	Modulación de la vía de señalización en la supervivencia de la célula huésped aumentando el metabolismo mitocondrial y disminuyendo la apoptosis por su interacción con STOML2.
Nsp3	Funciones de proteasa para escindir la poliproteína en diferentes proteínas.
Nsp4	Se cree que ancla el complejo de transcripción-replicación viral a las membranas del retículo endoplásmico de la célula huésped, así como la interacción con RNF5 para inhibir la respuesta antiviral.
Nsp5	Involucrada en el procesamiento de la poliproteína durante la replicación, tiene un papel clave en el procesamiento postraduccional e inhibición de la síntesis de interferón.
Nsp6	Desempeña un papel en la inducción inicial de los autofagosomas y las vesículas de autolisosoma del retículo endoplásmico del huésped.
Nsp7	Forma un complejo hexadecamérico con Nsp8 que adopta una estructura cilíndrica hueca implicada en la replicación. Tiene un papel clave en la activación de la RNA polimerasa viral (RdRp).
Nsp8	Forma un complejo hexadecamérico con Nsp7 que adopta una estructura cilíndrica hueca implicada en la replicación.
Nsp9	Responsable de la síntesis de RNA viral, participa en la replicación actuando como una proteína de unión al RNAs, interactúa con proteínas de la célula huésped para facilitar la replicación viral.
Nsp10	Involucrada en el encapuchamiento de mRNA viral y en la transcripción mediante la estimulación de la actividad exoribonucleasa (ExoN) 3'-5' de la proteína Nsp 16 y la actividad 2'-O-metiltransferasa ("O-MT) de la proteína Nsp14. Por lo tanto, juega un papel esencial en la metilación y protección de los ARNm virales.
Nsp12	Responsable de la replicación y la transcripción del genoma viral, mediante la activación de la RNA polimerasa viral (RdRp).
Nsp13	Pertenece a la superfamilia helicasa 1, que tiene diversas propiedades enzimáticas que incluye: Helicasa, GTPasa y ATPasa. Posee un dominio central de helicasa que se une a ATP, y un dominio de unión al zinc, ambos participan en la replicación y la transcripción viral.
Nsp14	Actividad exoribonucleasa actuando en dirección 3' a 5' y actividad N7-guanina metiltransferasa y participa en el proceso de encapuchamiento del RNA.
Nsp15	Actividad endoribonucleasa dependiente de manganasa (Mn 2+), procesa el RNA en los sitios de poliuridilato e inhibe la producción y señalización de interferones.
Nsp16	Actividad de metiltransferasa que media la metilación de cap 2'-O-ribose del ARNm a la estructura 5'-cap de los ARNm virales y protege el RNA del reconocimiento de MDA5.
Nsp11 yp	Desconocida

## Estructura, genoma y tropismo



**Figura 2.** Estructura, organización genómica y organotropismo del SARS-cov-2: virus de ARN de polaridad positiva, esférico, envuelto. Dos terceras partes del genoma codifican para 16 proteínas no estructurales (Nsp 1-16); una tercera parte codifica para 9 proteínas: 5 accesorias (ORF3, ORF4a, ORF4b, ORF5 y ORF8) y para 4 proteínas estructurales: espiga (S), envoltura (E), membrana (M) y nucleocápside (N), de las que S, es la que juega un papel clave de unión, fusión y entrada a las células del hospedero, desplegando un amplio tropismo en células epiteliales de diversos órganos y tejidos que expresan enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) y TM serina 2 (TMPRSS2).<sup>(27)</sup>



**Figura 3.** Vías de transmisión de SARS-COV-2 de persona a persona: la vía principal de transmisión es la aerógena, por gotículas expulsadas al ambiente y por aerosoles formados en ambientes hospitalarios, otra de ellas es el contacto directo con las secreciones expulsadas en estornudos y tos de personas infectadas. El contacto indirecto con superficies y objetos inanimados es una más de las vías de transmisión reportadas, y la última y menos común, es la transmisión vertical, del feto a la madre; sin embargo, no hay suficiente evidencia científica de esta vía.<sup>(13, 26)</sup>

Una vez que el virus ingresa a las células epiteliales alveolares y de vías respiratorias, las células endoteliales vasculares y los macrófagos alveolares se encuentran entre sus principales objetivos de entrada, y este proceso depende en gran medida de la expresión de TMPRSS2, ya que en células con baja expresión de ACE2 y TMPRSS2, se sigue favoreciendo la entrada del virus, sin embargo, no está relacionado con la severidad de la enfermedad.<sup>(25)</sup> ACE2 y TMPRSS2 se expresan abundantemente en el tracto intestinal humano y de muchos otros mamíferos, específicamente en el borde en cepillo de los enterocitos intestinales.<sup>(23)</sup> En consecuencia, se han reportado con frecuencia enfermedades gastrointestinales en pacientes con COVID-19.<sup>(6, 26)</sup>

Los mecanismos implicados en la interacción virus/célula huésped son clave en los procesos de infección y replicación que, a su vez, conducen a la severidad de la enfermedad y al daño a producir. SARS-COV-2 tiene un organotropismo más allá del tracto respiratorio e influirá en el curso de la enfermedad que, posiblemente, agravará las condiciones de salud previas.<sup>(22, 27)</sup>

## Transmisión y potencial zoonótico de los coronavirus

Los coronavirus que cruzan la barrera interespecies, además de infectar a su huésped principal causando infecciones ocasionales en otras especies animales, son los coronavirus de animales de compañía y domésticos: los cov de perros, gatos y cerdos, así como los que provocan gastroenteritis viral transmisible, debido a que infectan de forma cruzada, esto significa, diferentes manifestaciones clínicas. (14, 28) Los cov producen un amplio espectro clínico en las diferentes especies de mamíferos y aves. (28) El dominio de unión al receptor de los cov reconoce el mismo receptor en múltiples animales. (20) Las interacciones virus-receptor, la selección evolutiva y la diversidad genética viral por recombinación homóloga frecuente, reportada en análisis filogenéticos recientes, identificaron 589 eventos de recombinación en el SARS-COV-2, esto indica que el 2.7% de los genomas secuenciados tienen una ascendencia recombinante. Las mutaciones puntuales inherentes permiten que el virus salte la barrera interespecie y se adapte rápidamente a un nuevo huésped. (11, 20)

Una de las especies de cov capaz de cruzar las barreras interespecie, es el bovino (covB). (29-31) Se han identificado variantes que tienen relación genética con este virus en secreciones respiratorias de perros, humanos, camellos, antílopes, venados Sambar, venados cola blanca y jirafas. Incluso ocasionan cuadros digestivos en aves. La secuenciación completa del genoma reveló que algunos de los cov bovinos aislados de rumiantes salvajes y cautivos tienen una identidad alta (>98–99.6), apoyando su estrecha relación genética. (32) El cov B realiza recombinación homóloga genética entre las proteínas estructurales virales de coronavirus de diferentes huéspedes animales; en este se ha identificado una delección genómica de 290 nucleótidos en el gen que codifica para la proteína espiga (s), responsable del reconocimiento de receptores y la fusión de membranas celulares, y determinante clave de la infectividad viral y especificidad del huésped. (30)

El receptor aminopeptidasa N (APN) conserva una similitud del 78% ante algunos coronavirus de humanos, felinos y porcinos. El APN felino es un receptor funcional para otros  $\alpha$ -cov, incluyendo el de la peritonitis infecciosa felina, coronavirus felino, gastroenteritis viral transmisible, cov canino y cov humano 229E (HCoV-229E). Debido a esto, los gatos se infectan con coronavirus de perros, virus de gastroenteritis viral transmisible o HCoV-229E sin manifestar un cuadro clínico. De manera similar, la secuenciación genómica revela que la gastroenteritis viral transmisible resultó de un salto de la especie del coronavirus canino tipo II (CCOV-II) al cerdo, ya que se han identificado gracias a ella, altas tasas de mutación por una fidelidad relativamente baja de sus ARN polimerasas, alta frecuencia de eventos de recombinación homóloga durante la replicación del ARN que ha quedado muy documentada en el caso de coronavirus porcinos, felinos y caninos. (30)

En los humanos, los coronavirus causan infecciones que van desde un resfriado común hasta complicaciones severas como el sars y el mers. Se reportan siete coronavirus humanos (HCoV): HCoV-229E, HCoVNL63, HCoV-OC43, HCoV-HKU1 (que causan un cuadro clínico leve) y los altamente patógenos: MERS-COV, SARS-COV, y SARS-COV-2, que causan un cuadro grave en vías respiratorias inferiores. El análisis filogenético ha demostrado que los murciélagos, los ratones y los animales domésticos son la fuente genética para estos siete virus. Los coronavirus humanos no requieren de un reservorio animal para infectar, mientras que MERS-COV necesita

mantenerse y propagarse en su huésped intermediario para infectar al humano. No obstante, la secuenciación sugiere que el genoma del BCoV está relacionado como el posible ancestro del HCoV OC43, donde, en un análisis filogenético reciente, evaluaron la relación virus/huésped ancestral utilizando las secuencias del gen S de BCoV y HCoV-OC43 en el que se asociaron brotes en enfermedad respiratoria y entérica de bovino a humano datadas en 1890.<sup>(30, 31, 33)</sup>

SARS-CoV-2 causa enfermedad respiratoria leve en gatos, perros y tigres que han tenido contacto con humanos. Gorilas del zoológico de San Diego y, nutrias de California, también ha reportado alta susceptibilidad a la infección y enfermedad clínica por SARS-CoV-2.<sup>(34)</sup> Del virus de la bronquitis infecciosa aviar, aún no hay datos de transmisión zoonótica, de manera que no se considera un riesgo para la salud pública. A pesar de ello, este virus se ha detectado en aves silvestres en las que se llevan a cabo recombinaciones genéticas, el resultado, variantes emergentes de riesgo para el humano.<sup>(30)</sup>

El virus de la diarrea epidémica porcina está genéticamente relacionado al HCoV-229E. Los cerdos son una especie importante para la evolución de los brotes de nuevas cepas como el virus de la influenza A, y también se infectan con coronavirus de murciélagos. Se han identificado algunos coronavirus genéticamente similares a los del humano, en civetas, mapaches y murciélagos, han enfermado en infecciones experimentales en gatos.<sup>(30)</sup> Los coronavirus del MERS son otro ejemplo de la transmisión interespecie. Se han aislado de secreciones nasales de camellos dromedarios de Egipto y Qatar. Además, estos virus no solo se eliminan por vía nasal, sino también por vía fecal-oral, y por leche. Por lo tanto, generan riesgo ocupacional y alimentario para el humano.<sup>(35)</sup>

## Infección por coronavirus en animales de compañía

Se denominan animales de compañía a gatos, hurones y perros. Los principales coronavirus que los infectan son el coronavirus entérico felino, el virus de la peritonitis infecciosa felina, el coronavirus entérico canino, el coronavirus entérico del hurón, el coronavirus sistémico del hurón (un alfa coronavirus), y el coronavirus respiratorio canino (un betacoronavirus). La literatura reporta en investigaciones conjuntas, una estrecha relación filogenética del coronavirus SARS-CoV-2 con los coronavirus de murciélagos y carnívoros, especialmente con los representantes de la Familia *Felidae* (gatos domésticos).<sup>(36, 37)</sup>

Los transmisores entre especies no solo son betacoronavirus como SARS-CoV, MERS-CoV y SARS-CoV-2, peligrosos para la salud humana por su capacidad zoonótica y por sus características propias; si no también los coronavirus de animales agrícolas, domésticos y de compañía, entre los que se sabe, existe una relación filogenética y sus características son descritas en el Cuadro 3.<sup>(4)</sup>

**Cuadro 3.** Características de las principales infecciones por coronavirus en animales de compañía<sup>(4)</sup>

Coronavirus	Órgano blanco	Célula huésped principal	Principales manifestaciones clínicas	Transmisión	Receptor celular
Entérico felino	Tracto gastrointestinal	Enterocitos	Asintomático o diarrea leve	Contacto directo Fecal-oral Infección materna	Serotipo I: desconocido Serotipo II: APN
Peritonitis infecciosa felina	Epiplón Serosa, pleura Hígado Riñones Linfonodos Ojos, cerebro	Monocitos, macrófagos	Peritonitis Efusión torácica y abdominal Cuadro nervioso y ocular	Orofecal Por fómites Está documentada la transmisión vertical, la peor es poco frecuente	Serotipo I: desconocido Serotipo II: APN
Entérico de hurones	Tracto gastrointestinal	Enterocitos	Enteritis catarral epizoótica	Orofecal	Desconocido
Sistémico de hurones	Bazo, linfonodos: mesentérico, intestino, riñón, hígado, pulmones, cerebro	Desconocido	Pérdida de peso Anorexia Diarrea Masas o granulomas abdominales Cuadro nervioso	Desconocido	Desconocido
Entérico de caninos	Tracto gastrointestinal	Enterocitos	Gastroenteritis Diarrea En raras ocasiones, enteritis severa y cuadro sistémico	Orofecal	Serotipo I: desconocido Serotipo II: APN
Respiratorio de caninos	Sistema respiratorio	Epitelio respiratorio	Cuadro respiratorio (vías altas)	Aerosoles	Desconocido

## Conclusión

Los nuevos cov animales y humanos son el resultado de una recombinación genética, de la divergencia antigénica y la evolución. Los anticuerpos contra los cov de otras especies animales, en humanos, podría deberse simplemente a una exposición ocasional u ocupacional sin enfermedad aparente. No obstante, nuevas variantes con una mejor capacidad para infectar al humano (principalmente aquellos inmunocomprometidos e inmunosuprimidos) se manifiestan gracias a la frecuente y prolongada exposición a estos virus, y a la capacidad del virus de mutar para evadir la respuesta inmune del huésped. Actualmente (2022), no hay datos sólidos que sugieran el papel de los cov del ganado, las aves de corral y las mascotas como causantes de enfermedad en humanos. A pesar de ello, el riesgo de cruzar la barrera interespecie y generar una enfermedad potencialmente mortal está latente debido a la habilidad de los coronavirus para adaptarse a nuevos hospederos. De tal manera, se recomienda tener hábitos higiénicos sanitarios adecuados para prevenir infecciones y evitar, en lo posible, el contacto con animales silvestres para restringir la exposición a los cov de otras especies animales. Además de mantener vigilancia epidemiológica de neumonías y otras enfermedades infecciosas mediante la obtención de secuencias virales de fuentes animales y humanas.

## Financiamiento

Financiado por proyecto DGAPA PAPIIT UNAM IN200721.

## Conflictos de interés

Ninguno que declarar.

## Contribución de los autores

Todos los autores contribuyeron de igual manera en el desarrollo del manuscrito. JAS elaboró las imágenes.

## Referencias

1. Lau SKP, Wong ACP, Zhang L, Luk HKH, Kwok JSL, Ahmed SS, et al. Novel bat alphacoronaviruses in southern China support Chinese horseshoe bats as an important reservoir for potential novel coronaviruses. *Viruses*. 2019;11(5):423. doi: 10.3390/v11050423.
2. Lai CC, Shih TP, Ko WC, Tang HJ, Hsueh PR. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and coronavirus disease-2019 (COVID-19): the epidemic and the challenges. *International Journal of Antimicrobial Agents*. 2020;55(3):105924. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2020.105924.
3. Ahmed SS. The coronavirus disease 2019 (COVID-19): a review. *J Adv Med Med Res*. 2020;32(4):1-9. doi: 10.1007/s12098-020-03263-6.
4. Haake C, Cook S, Pusterla N, Murphy B. Coronavirus infections in companion animals: virology, epidemiology, clinical and pathologic features. *Viruses*. 2020;12(9):1023. doi: 10.3390/v12091023.
5. Wang MY, Zhao R, Gao LJ, Gao XF, Wang DP, Cao JM. SARS-CoV-2: structure, biology, and structure-based therapeutics development. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2020;10:587269. doi: 10.3389/fcimb.2020.587269.
6. Harrison AG, Lin T, Wang P. Mechanisms of SARS-CoV-2 transmission and pathogenesis. *Trends in Immunology*. 2020;41(12):1100-15. doi: 10.1016/j.it.2020.10.004.
7. Jiang X, Wang R. Wildlife trade is likely the source of SARS-CoV-2. *Science*. 2022;377(6609):925-6. doi: 10.1126/science.add8384.
8. FAO. The COVID-19 challenge: zoonotic diseases and wildlife 2020. <https://www.fao.org/documents/card/en/c/cb1163en/>
9. Al-Awwal N, Dweik F, Mahdi S, El-Dweik M, Anderson SH. A review of SARS-CoV-2 Disease (COVID-19): pandemic in our time. *Pathogens*. 2022;11(3):368. doi: 10.3390/pathogens11030368.
10. Parra-Ortega I, Vilchis-Ordoñez A, López-Martínez B, Angeles-Florian T. Analytical recommendations for SARS-CoV-2 identification by RT-PCR in pediatric patients. *Boletín Médico del Hospital Infantil de México*. 2021;78(3):171-80. doi: 10.24875/bmhim.20000210.
11. Pekar JE, Magee A, Parker E, Moshiri N, Izhikevich K, Havens JL, et al. The molecular epidemiology of multiple zoonotic origins of SARS-CoV-2. *Science*. 2022;377(6609):960-6. doi: 10.1126/science.abp8337.
12. Kevadiya BD, Machhi J, Herskovitz J, Oleynikov MD, Blomberg WR, Bajwa N, et al. Diagnostics for SARS-CoV-2 infections. *Nature Materials*. 2021;20(5):593-605. doi: 10.1038/s41563-020-00906-z.

13. Zhou L, Ayeh SK, Chidambaram V, Karakousis PC. Modes of transmission of SARS-cov-2 and evidence for preventive behavioral interventions. *BMC Infectious Diseases*. 2021;21(1):1-9. doi: 10.1186/s12879-021-06222-4.
14. Woo PC, Lau SK, Lam CS, Lau CC, Tsang AK, Lau JH, et al. 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 deltacoronavirus. *J Virol*. 2012;86(7):3995-4008. doi: 10.1128/JVI.06540-11.
15. Kangarshahi ZT, Lak S, Ghadam M, Motamed N, Sardari S, Rahimi S. The proteins of SARS- Cov-2 and their functions. *Military Medical Science Letters*. 2021;90(4):172-90. doi: 10.31482/mmsl.2021.018.
16. Schoeman D, Fielding BC. Coronavirus envelope protein: current knowledge. *Virology Journal*. 2019;16(1):69. doi: 10.1186/s12985-019-1182-0.
17. Meyerowitz EA, Richterman A, Gandhi RT, Sax PE. Transmission of SARS-cov-2: a review of viral, host, and environmental factors. *Annals of Internal Medicine*. 2021;174(1):69-79. doi: 10.7326/M20-5008.
18. Naqvi AAT, Fatima K, Mohammad T, Fatima U, Singh IK, Singh A, et al. Insights into SARS-cov-2 genome, structure, evolution, pathogenesis and therapies: structural genomics approach. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular Basis of Disease*. 2020;1866(10):165878. doi: 10.1016/j.bbadis.2020.165878.
19. Liu X, Liu C, Liu G, Luo W, Xia N. COVID-19: Progress in diagnostics, therapy and vaccination. *Theranostics*. 2020;10(17):7821-35. doi: 10.7150/thno.47987.
20. Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WI, Holmes EC, Garry RF. The proximal origin of SARS-cov-2. *Nature Medicine*. 2020;26(4):450-2. doi: 10.1038/s41591-020-0820-9.
21. Gu J, Han B, Wang J. COVID-19: gastrointestinal manifestations and potential fecal-oral transmission. *Gastroenterology*. 2020;158(6):1518-9. doi: 10.1053/j.gastro.2020.02.054.
22. Puelles VG, Lütgehetmann M, Lindenmeyer MT, Sperhake JP, Wong MN, Allweiss L, et al. Multiorgan and renal tropism of SARS-cov-2. *New England Journal of Medicine*. 2020;383(6):590-2. doi: 10.1056/NEJMc2011400.
23. Li MY, Li L, Zhang Y, Wang XS. Expression of the SARS-cov-2 cell receptor gene ACE2 in a wide variety of human tissues. *Infectious Diseases of Poverty*. 2020;9(1):45. doi: 10.1056/NEJMc2011400.
24. Baraniuk C. Receptors for SARS-cov-2 present in wide variety of human cells. *The Scientist Magazine of the Life Sciences*. 2020 (Apr, 29). <https://www.the-scientist.com/news-opinion/receptors-for-sars-cov-2-present-in-wide-variety-of-human-cells-67496>
25. Prajapat M, Sarma P, Shekhar N, Prakash A, Avti P, Bhattacharyya A, et al. Update on the target structures of SARS-cov-2: A systematic review. *Indian Journal of Pharmacology*. 2020;52(2):142. doi: 10.4103/ijp.IJP\_338\_20.
26. Kimberlin DW, Stagno S. Can SARS-cov-2 infection be acquired in utero?: more definitive evidence is needed. *Jama*. 2020;323(18):1788-9. doi: 10.1001/jama.2020.4868.
27. Salamanna F, Maglio M, Landini MP, Fini M. Body localization of ACE-2: on the trail of the keyhole of SARS-cov-2. *Frontiers in Medicine*. 2020;7:594495. doi: 10.3389/fmed.2020.594495.

28. Vlasova AN, Kenney SP, Jung K, Wang Q, Saif LJ. Deltacoronavirus evolution and transmission: current scenario and evolutionary perspectives. *Frontiers in Veterinary Science*. 2021;7:626785. doi: 10.3389/fvets.2020.626785.
29. Bonilauri P, Rugna G. Animal coronaviruses and SARS-COV-2 in animals. What do We actually know? *Life (Basel)*. 2021;11(2):123. doi: 10.3390/life11020123.
30. Parkhe P, Verma S. Evolution, interspecies transmission, and zoonotic significance of animal coronaviruses. *Frontiers in Veterinary Science*. 2021:1149. doi: 10.3389/fvets.2021.719834.
31. Colina SE, Serena MS, Echeverría MG, Metz GE. Clinical and molecular aspects of veterinary coronaviruses. *Virus Research*. 2021;297:198382. doi: 10.1016/j.virusres.2021.198382.
32. Vlasova AN, Saif LJ. Bovine coronavirus and the associated diseases. *Frontiers in Veterinary Science*. 2021;8:643220. doi: 10.3389/fvets.2021.643220.
33. Brandão PE. Could human coronavirus oc43 have co-evolved with early humans? *Genetics and Molecular Biology*. 2018;41:692-8. doi: 10.1590/1678-4685-GMB-2017-0192.
34. Torrico JF. The survival of animal care organizations Impacted by the COVID-19-19 Pandemic in 2020. *Barry L Env't & Earth LJ*. 2021;11:23.
35. Kandeil A, Gomaa M, Nageh A, Shehata MM, Kayed AE, Sabir JSM, et al. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-cov) in dromedary camels in Africa and Middle East. *Viruses*. 2019;11(8):717. doi: 10.3390/v11080717.
36. Siala R, Mehdi A. Role of wild and domesticated animals in the origin and transmission of the coronavirus SARS-COV-2. *Бюллетень науки и практики. [Bulletin of Science and Practice]*. 2021;7(9):136-43.
37. Chan T, Klaus J, Meli ML, Hofmann-Lehmann R. SARS-cov-2 infections in cats, dogs, and other animal species: findings on infection and data from Switzerland. *Schweiz Arch Tierheilkd*. 2021;163(12):821-35. doi: 10.17236/sat00329.