

## Zoonose e zoonose reversa do SARS-CoV-2 sob a perspectiva da Saúde Única

Zoonosis and reverse zoonosis of the SARS-CoV-2 from a One Health perspective

Zoonosis y zoonosis reversa del SARS-CoV-2 bajo la perspectiva de la Salud Única

Recebido: 16/08/2022 | Revisado: 26/08/2022 | Aceito: 27/08/2022 | Publicado: 04/09/2022

### **Antonio Neres Norberg**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6895-4586>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [antonionorberg@gmail.com](mailto:antonionorberg@gmail.com)

### **Paulo Roberto Blanco Moreira Norberg**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4492-4614>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [paulonorberg@gmail.com](mailto:paulonorberg@gmail.com)

### **Bianca Magnelli Mangiavacchi**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9682-4869>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [bmagnelli@gmail.com](mailto:bmagnelli@gmail.com)

### **Renato Mataveli Ferreira Filho**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3520-3882>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [renatomatavelifilho@gmail.com](mailto:renatomatavelifilho@gmail.com)

### **Lígia Cordeiro Matos Faial**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2586-2443>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [licordeiromatos@yahoo.com.br](mailto:licordeiromatos@yahoo.com.br)

### **Claudia Caixeta Franco Andrade Colete**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4021-5693>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [claudiacfa@yahoo.com.br](mailto:claudiacfa@yahoo.com.br)

### **Livia Mattos Martins**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7748-8265>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [liviammartins@gmail.com](mailto:liviammartins@gmail.com)

### **Nadir Francisca de Sant'Anna**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2758-7596>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [nadirfranciscasantanna@gmail.com](mailto:nadirfranciscasantanna@gmail.com)

### **Clara dos Reis Nunes**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4369-8341>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [clara\\_biol@yahoo.com.br](mailto:clara_biol@yahoo.com.br)

### **Thaís Riguetti Brasil Borges**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6533-4189>  
Faculdade Metropolitana São Carlos, Brasil  
E-mail: [thaisrigueti@gmail.com](mailto:thaisrigueti@gmail.com)

### **Resumo**

Zoonoses não se processam em um único sentido na dinâmica de infecção, de animais para humanos. Assim como outras doenças, já vem sendo demonstrada a capacidade de infecção de animais pelo SARS-CoV-2 a partir do contato com humanos. O objetivo desse trabalho é realizar uma revisão narrativa, através da análise da literatura científica atual, quanto à possibilidade de zoonose e zoonose reversa do SARS-CoV-2 sob a perspectiva de Saúde Única e possíveis implicações para o futuro da evolução do vírus. Pesquisas recentes apontam que o vírus mostrou potencial de zoonose reversa, infectando mamíferos em diversas partes do planeta. Mustelídeos, hamsters, felinos e primatas do velho mundo são os animais que apresentaram maior susceptibilidade ao SARS-CoV-2. A zoonose reversa do SARS-CoV-2 favoreceu o surgimento de variantes cujas mutações mostraram-se adaptadas às diversas características fisiológicas particulares das espécies animais afetadas, com capacidade de retorno ao ser humano. O SARS-CoV-2 provavelmente será persistente entre mamíferos após a onda pandêmica que afetou a humanidade. Processos de mitigação da zoonose e zoonose reversa do SARS-CoV-2 sob a perspectiva da Saúde Única requerem ações em três níveis: ambiente humano, relações entre humanos e animais domésticos ou cativos, e vigilância e controle do vírus circulante entre animais de vida livre.

**Palavras-chave:** SARS-CoV-2; Animais; Zoonose; Zoonose reversa; Saúde única; Pandemia.

### Abstract

Zoonoses are not a one-way dynamic of infection from animals to humans. Like other diseases, the possibility of animals becoming infected with SARS-CoV-2 through contact with humans has been demonstrated. The objective of this manuscript is to perform a narrative review, through the analysis of the current scientific literature, regarding the possibility of zoonosis and reverse zoonosis of SARS-CoV-2 under the One Health perspective and possible implications for the future evolution of the virus. Current research shows that the virus has the potential for reverse zoonosis, infecting mammals in several parts of the planet. Mustelids, hamsters, felines and old-world monkeys are the animals that have shown the greatest susceptibility to SARS-CoV-2. The reverse zoonosis of SARS-CoV-2 has favored the emergence of variants which mutations have shown themselves to be adapted to the various particular physiological characteristics of the affected animal species, with the ability to return to humans. SARS-CoV-2 is likely to be persistent among mammals after the pandemic wave that affected humanity. Mitigation processes for zoonosis and reverse zoonosis of SARS-CoV-2 from a One Health perspective require actions at three levels: human environment, relationships between humans and domestic or captive animals, and surveillance and control of circulating virus among free-living animals.

**Keywords:** SARS-CoV-2; Animals; Zoonosis; Reverse zoonosis; One health; Pandemic.

### Resumen

Las zoonosis no son una dinámica unidireccional de infección de animales a humanos. Al igual que con otras enfermedades, se ha demostrado la capacidad de los animales de infectarse con el SARS-CoV-2 a través del contacto con los seres humanos. El objetivo de este artículo es realizar una revisión narrativa, a través del análisis de la literatura científica actual, sobre la posibilidad de zoonosis y zoonosis reversa del SARS-CoV-2 bajo la perspectiva de Salud Única y las posibles implicaciones para la evolución futura del virus. Investigaciones recientes indican que el virus ha mostrado potencial de zoonosis reversa, infectando a mamíferos en varias partes del planeta. Los mustélidos, los hámsters, los felinos y los primates del viejo mundo son los animales que han mostrado una mayor susceptibilidad al SARS-CoV-2. La zoonosis reversa del SARS-CoV-2 ha favorecido la aparición de variantes cuyas mutaciones se han mostrado adaptadas a las distintas características fisiológicas particulares de las especies animales afectadas, con capacidad para volver al ser humano. Es probable que el SARS-CoV-2 sea persistente entre los mamíferos después de la ola pandémica que afectó a la humanidad. Los procesos de mitigación de la zoonosis y la zoonosis inversa del SARS-CoV-2 desde la perspectiva de Salud Única requieren acciones en tres niveles: el entorno humano, las relaciones entre los seres humanos y los animales domésticos o cautivos, y la vigilancia y el control del virus circulante entre los animales de vida libre.

**Palabras clave:** SARS-CoV-2; Animales; Zoonosis; Zoonosis reversa; Salud única; Pandemia.

## 1. Introdução

De acordo com a Organização Mundial da Saúde, em 26 de julho de 2022 havia registro de 568.773.510 casos confirmados de COVID-19 e 6.381.643 mortes atribuídas a essa doença em todo o mundo (World Health Organization, 2022). O agente etiológico da COVID-19 é o coronavírus SARS-CoV-2, um vírus de RNA da família Coronaviridae e subfamília Orthocoronavirinae (Xavier et al., 2020). Humanos infectados pelo SARS-CoV-2 apresentam sinais clínicos como febre, tosse não-produtiva, falta de ar, podendo evoluir para pneumonia, síndrome respiratória aguda e falência renal, embora uma série de outros sinais, sintomas e formas clínicas possam ser observados com menor frequência (Saxena et al., 2020). A evolução da infecção para Síndrome Respiratória Aguda Grave pode levar à morte por COVID-19. Estes pacientes apresentam uma forte resposta inflamatória, semelhante à da síndrome de liberação de citocinas, e aumento da migração de neutrófilos para o tecido pulmonar desencadeada pelos mediadores inflamatórios liberados pelas células epiteliais, endoteliais do tecido infectado e por células do sistema imune atraídas para o local da infecção (Mangiavacchi et al., 2020; Merad et al., 2022; Bhardwaj et al., 2022; Li & Li, 2022).

Coronavírus em geral infectam diversas espécies animais e causam doenças respiratórias, entéricas, hepáticas, renais, neurológicas, e em alguns casos, enfermidades sistêmicas. A maior parte dos coronavírus apresenta especificidade para um tipo de hospedeiro (Wang & Yoo, 2022), porém alguns podem adquirir capacidade de infecção de uma gama maior de espécies animais a partir de mutações (Cavanagh & Britton, 2021).

Coronavírus não eram considerados de alta patogenicidade entre humanos imunocompetentes até a emergência do SARS-CoV-1 na China no ano de 2002. rapidamente se espalharam pelo mundo (Lee et al., 2003; Peiris et al., 2003), porém

nenhum caso de doença foi relatado após o ano de 2004 (Mann et al., 2020). A MERS foi uma coronavirose relatada em 2012, com o isolamento do vírus antes desconhecido de amostras respiratórias de um paciente em Jeddah, Arábia Saudita. Ainda são pouco conhecidas as dinâmicas de infecção pelo vírus MERS, porém pesquisas indicam morcegos e camelos dromedários como reservatórios intermediários (Peiris & Perelman, 2022). O vírus ainda circula no Oriente Médio, sendo relatados mais de 2600 casos em 27 países até julho de 2022 (European Centre for Disease Prevention and Control, 2022). O SARS-CoV-2 surgiu em Wuhan, China, em dezembro de 2019, e em março de 2020 havia se estabelecido como uma pandemia, sendo o coronavírus com maior impacto na saúde pública global até o presente momento.

Os surtos de SARS, MERS e COVID-19 compartilham muitas semelhanças na apresentação clínica e forma de transmissão. Embora as infecções agudas do trato respiratório sejam as manifestações clínicas mais comuns, outros órgãos podem ser afetados e as doenças sistêmicas não são incomuns nessas viroses. Outra característica marcante é a origem zoonótica. De acordo com Su et al. (2016) e Forni et al. (2017), as análises das similitudes genéticas permitem afirmar que todos os coronavírus que afetam seres humanos tem sua origem em vírus que originalmente afetavam animais. A emergência do SARS-CoV-2 como patógeno humano não é exceção, uma vez que mais de 60% das doenças infecciosas emergentes tem origem em animais selvagens (Jones et al., 2008). Zoonoses não se processam em um único sentido na dinâmica de infecção, de animais para humanos. Assim como outras doenças, já vem sendo demonstrada a capacidade de infecção de animais pelo SARS-CoV-2 a partir do contato com humanos.

O objetivo desse trabalho é realizar uma análise da literatura científica atual, quanto à possibilidade de zoonose e zooantroponose do SARS-CoV-2 sob a ótica de Saúde Única e possíveis implicações para o futuro da evolução do vírus.

## 2. Metodologia

O presente trabalho possui o desenho metodológico de revisão narrativa da literatura sobre a incidência de SARS-CoV-2 em animais e os impactos do vírus como agente de zoonose e zoonose reversa. A análise do tema através da perspectiva da Saúde Única é a mais recomendada, pois somente uma avaliação integrada e abrangente pode fornecer a compreensão do problema que envolve doença, sociedade, comportamento humano, animais, ambiente e políticas públicas com inter-relações estruturais em múltiplos níveis. Com essa finalidade, foi realizada uma revisão narrativa de literatura com abordagem qualitativa (Rother, 2007), com reflexões críticas e integrativas de acordo com a ótica holística inerente ao paradigma de Saúde Única (Shapiro et al., 2021; Sironi et al., 2022). A revisão avaliou artigos científicos disponíveis nas bases de dados PubMed, SciELO e Google Scholar, relatórios de instituições relacionadas à saúde pública, e livros de microbiologia médica e veterinária. Os descritores utilizados, em diversas combinações, foram: “SARS-CoV-2”; “animals”, “zoonosis”, “reverse zoonosis”, “spillover”, “spillback”, “One Health”, “interspecies transmission”. Em razão do tema abordado, o recorte temporal da revisão de literatura foi estabelecido entre os anos de 2019 e 2022. O critério de inclusão de artigos foi a verificação de resultados condizentes com o objetivo da pesquisa. Desse modo, foram selecionados estudos que apresentaram confirmação laboratorial por PCR, sorologia e recursos diagnósticos equivalentes. Foram excluídos artigos que não atendiam aos critérios para avaliação, como metodologia deficiente ou inadequada, dados inconsistentes, e falta de confirmação laboratorial. Após a leitura do título e abstract, foi selecionado o material que apresentou consistência com o tema pesquisado e os artigos e relatórios lidos na íntegra. Em seguida, foi realizada a análise do material, distribuição dos resultados por grupos taxonômicos afins, considerações sobre aspectos de Saúde Única e redação da revisão crítica.

## 3. Discussão

A identificação de receptores de vírus contribui significativamente para a compreensão do tropismo celular, tecidual e a capacidade de infectar os hospedeiros, além de explicar aspectos da patogênese do vírus (Evans, 2008). Assim como o primeiro

coronavírus (SARS-CoV) de maior patogenicidade para humanos, o SARS-CoV-2 utiliza o receptor da enzima de conversão de angiotensina 2 (ACE2) para ingressar principalmente em células ciliadas do epitélio brônquico e pneumócitos (Xavier et al., 2020; Shang et al. 2020; Zhou et al., 2020). Diversos mamíferos apresentam receptores ACE2 compatíveis em suas células, e o grau de afinidade entre esses receptores e a proteína da espícula do SARS-CoV-2 é um fator preditor da possibilidade de infecção (Alexander et al., 2020; Bouricha et al., 2020; Lam et al., 2020; Kumar et al., 2020; Shen et al. 2020; Devaux et al., 2021). A possível presença de outros fatores relevantes na interação do SARS-CoV-2 com a célula do hospedeiro, como receptores compatíveis de lecitina do tipo C, sulfato de heparana, e ácido siálico (Clayton et al., 2022; Kuchipudi et al., 2022) pode contribuir ou não para o sucesso da capacidade de infecção viral de acordo com a fisiologia própria de cada espécie animal.

A origem do SARS-CoV-2 é incerta, porém muitas pesquisas apontam indícios de que morcegos da espécie *Rhinolophus lepidus* foram os hospedeiros originais do vírus que deu origem ao patógeno causador da pandemia em humanos, com a possibilidade de um hospedeiro intermediário (Zhou et al., 2020). Estudos de análise da composição genética propõem que coronavírus originários de morcegos sejam a base de todos os demais tipos de coronavírus que infectam mamíferos (Vijaykrishna et al., 2007; Woo et al., 2012). Destarte, a busca por zoonose reversa do SARS-CoV-2 em morcegos é uma hipótese bastante plausível (Olival et al., 2020; Cox-Witton et al., 2021), ainda que a replicação do vírus em células renais de morcego *Rhinolophus lepidus* cultivadas em laboratório seja considerada limitada (Auerswald et al., 2022). Uma pesquisa com 129 morcegos na Itália não revelou positividade para o SARS-CoV-2 (Dakroub et al., 2022). As dinâmicas de interação entre humanos e morcegos podem não ser favoráveis para o transbordamento do SARS-CoV-2 entre as espécies, entretanto, não excluem a hipótese de zoonose reversa. Um fator a ser considerado é que morcegos têm uma grande diversidade de espécies e a estrutura dos receptores ACE2 variam substancialmente entre as espécies de quirópteros (Yan et al., 2021). Em um estudo experimental, Schlottau et al. (2020) infectou intencionalmente nove morcegos da espécie *Rousettus aegyptiacus*, dos quais sete (78%) desenvolveram infecções transitórias, com vírus detectável por PCR, na cavidade nasal, traqueia e pulmão, apresentando sintomas de rinite. Entre três morcegos não inoculados e postos em contato com os animais infectados, um indivíduo adquiriu o vírus por contágio.

Receptores ACE2 de ratos são pouco compatíveis com a espícula do vírus SARS-CoV-2. Por esse motivo, ratos geneticamente modificados através da técnica CRISPR/Cas9 com a adição do gene de expressão do receptor ACE2 humano têm sido utilizados como modelo de estudo da patogenia e transmissão do SARS-CoV-2 (Sun et al., 2020; Stolp et al. 2022). Existe pouca afinidade do receptor natural de ACE2 de ratos para a proteína da espícula do SARS-CoV-2 (Koley et al., 2021; Shou et al., 2021). Essa pouca baixa compatibilidade do receptor no gênero *Rattus* explica o resultado de Miot et al. (2022), que entre 217 ratos das espécies *Rattus norvegicus* e *Rattus tanezumi* encontraram resultados negativos em todos os testes de PCR. Esses autores, entretanto, verificaram que em um dos ratos o teste sorológico para detecção de anticorpos contra o SARS-CoV-2 foi positivo, indicando que esse indivíduo entrou em contato com o vírus e obteve resposta imune. Algumas variantes emergentes do SARS-CoV-2 apresentam mutações que com potencial de maior adaptabilidade ao receptor ACE2 de murinos, com possibilidade de evoluir para um maior tropismo para esse grupo de animais (Shuai et al., 2021). A possível adaptação do SARS-CoV-2 com a aquisição da capacidade infectiva para ratos domésticos pode ter um grande impacto para a saúde pública mundial.

A análise realizada por Preziuso (2020) dos receptores de ACE2 em roedores da Ordem Lagomorfa, que incluem coelhos e lebres, apontou para uma alta compatibilidade para a proteína da espícula do SARS-CoV-2 e a possibilidade de susceptibilidade desses animais ao vírus. Mykytyn et al. (2021) realizaram testes de infecção experimental em três coelhos (*Oryctolagus cuniculus*) nos Países Baixos para verificar a viabilidade de desenvolvimento do SARS-CoV-2 nesses animais. Os testes demonstraram a susceptibilidade dessa espécie ao vírus. No ano seguinte, Fritz et al. (2022) examinaram amostras de sangue de 144 coelhos criados como animais de estimação na França e relataram positividade em um animal (4,86%), com base nos resultados de detecção tanto de antígenos como de anticorpos. Esses autores avaliam que a baixa prevalência pode ser um indício de que coelhos são pouco susceptíveis à infecção natural pelo SARS-CoV-2 e que, pelo menos em relação às cepas

atualmente circulantes, não representam um risco de se tornarem reservatórios para o vírus.

Hamsters dourados (*Mesocricetus auratus*) são animais da família Cricetidae muito utilizados na experimentação laboratorial e como animais de estimação. Já era conhecido que essa espécie demonstrava susceptibilidade para o SARS-CoV-1 pela compatibilidade natural dos receptores ACE2 (Roberts et al., 2003). Sai et al. (2020) infectaram através de spray intranasal hamsters dourados a fim de avaliar a capacidade de replicação do SARS-CoV-2 nessa espécie. O vírus se replicou em células da mucosa nasal, epitélio brônquico e áreas do pulmão. Antígenos virais foram encontrados nas células epiteliais do duodeno e RNA viral detectado nas fezes. Os pesquisadores reportaram que hamsters infectados foram capazes de transmitir o SARS-CoV-2 para outros indivíduos da espécie que ocupavam as mesmas gaiolas, principalmente pelo contato direto e através de gotículas, resultado semelhante ao da experiência realizada por Dowall et al. (2021) quanto à transmissão entre animais no mesmo ambiente. Song et al. (2021), em um experimento semelhante, verificaram ainda que o SARS-CoV-2 infectou hamsters de forma sistêmica, com dano alveolar difuso, e danos ao baço, linfonodos, diferentes partes do sistema digestório, fígado glândula adrenal, ovário, glândula vesicular e próstata. Blaurock et al. (2022) afirmam que a alta susceptibilidade de hamsters dourados ao SARS-CoV-2 e o desenvolvimento do vírus nesses roedores a partir de cargas virais consideradas pequenas são indicativos de que esses animais podem ser considerados como potenciais fontes de transmissão para humanos.

Yen et al. (2022) sequenciaram o genoma do SARS-CoV-2 obtido de hamsters dourados e de humanos que cuidavam desses animais em pet-shops. Esses autores apresentaram provas de que os hamsters de estimação podem ser naturalmente infectados com SARS-CoV-2 e transmitir o vírus para humanos. A comparação das sequências genéticas dos coronavírus apresentam fortes indícios de transmissão da variedade Delta do SARS-CoV-2 de hamsters para humanos, seguidos de transmissão entre humanos desse vírus. A circulação de animais importados de um país para outro, conforme observado pela testagem em Hong-Kong entre hamsters oriundos dos Países Baixos, pode ser um meio de difusão de novas cepas (KOK et al., 2022), contaminando outros animais e humanos.

Outras espécies da família Cricetidae também foram susceptíveis a infecções experimentais pelo SARS-CoV-2. Fagre et al. (2021) demonstraram que o rato-veadeiro (*Peromyscus maniculatus*) e o rato-do-deserto (*Neotoma lepida*) são passíveis de infecção, e podem transmitir o vírus entre indivíduos através do contato direto ou por aerossóis. Diferentemente dos hamsters dourados investigados nas demais pesquisas, essas são espécies nativas na América do Norte, e a possível disseminação do vírus para ratos-veadeiros selvagens constitui um risco às populações dessas espécies e para o equilíbrio do meio ambiente.

Furões (*Mustela putorius*) são mustelídeos muito apreciados como animais de companhia em diversos países do mundo e são susceptíveis ao SARS-CoV-2. Giner et al. (2021) investigaram a prevalência de SARS-CoV-2 em 127 furões mantidos em cativeiro na Espanha. Dois indivíduos (1,57%) apresentaram anticorpos anti-SARS-CoV-2, que continuaram detectáveis no teste ELISA nos 129 dias seguintes, demonstrando a exposição desses animais ao vírus. Gortázar et al. (2021) realizaram exames de PCR quantitativo em 71 furões pertencentes a sete proprietários desses animais no mesmo país e detectaram SARS-CoV-2 em seis indivíduos (8,4%), com cargas virais indicativas de infecção. Os autores concluíram que a infecção de furões ocorre em circunstâncias onde a carga viral a que são expostos é alta. Račnik et al. (2021) também apresentaram um relato de caso de transmissão do SARS-CoV-2 de um proprietário para o animal de estimação na Eslovênia, em que o animal foi internado com gastroenterite, vômitos, anorexia e diarreia profusa. Para o diagnóstico das infecções, no humano e no animal, foi realizada prova de PCR e genotipagem, que confirmaram que os vírus pertenciam à mesma linhagem. Há indícios de que furões apresentam alguma resistência à infecção quando expostos a baixa carga viral (Shi et al., 2020; Ryan et al., 2021; Monchatre-Leroy et al., 2021), confirmando a hipótese de Gortázar et al. (2021). Entretanto, após as infecções experimentais tornarem-se efetivamente estabelecidas, esses animais demonstram-se altamente susceptíveis, desenvolvendo bronquite aguda, apresentando altos níveis de replicação viral e de contaminação entre indivíduos que compartilham o mesmo ambiente através de contato direto, ou através da urina, fezes e aerossóis (Kim et al., 2020; Kutter et al., 2021; Richard et al., 2021; Sawatzki et al., 2021) A

contaminação de furões pelo SARS-CoV-2 através de partículas virais dispersas por aerossóis no ar por animais infectados pode ultrapassar um metro de distância (Richard et al., 2021).

O vison europeu (*Mustela vison*) e o vison americano (*Neovison vison*) são mamíferos da família Mustelidae amplamente criados em vários países para a o uso da pele como material para vestuário. Em abril de 2020, Oreshkova et al. (2020) investigaram o primeiro surto de SARS-CoV-2 em visons em duas fazendas de criação nos Países Baixos. Pelo menos 18 animais vieram a óbito em razão da infecção, a maioria por pneumonia intersticial. Nos meses seguintes, diversas outras fazendas de criação de visons registraram surtos de SARS-CoV-2 no mesmo país (Molenaar et al., 2020; Lu et al., 2021; Munnink et al., 2021) e em outros países como Dinamarca, Polônia, Espanha, Estados Unidos da América, Suécia, Itália, Grécia, França, Lituânia e Canadá (Hammer et al., 2021; Rabalski et al., 2020; Eckstrand et al., 2021; Sharun et al., 2021). A rápida expansão do SARS-CoV-2 em visons de criações comerciais está ligada a uma mutação adaptativa do vírus, que tornou a proteína spike mais compatível com os receptores ACE2 desses animais (Statens Serum Institut, 2020; Dyer, 2020; Frutos & Devaux, 2020; Larsen & Paludan, 2020; Barua et al. 2022). Foram registrados casos de transmissão do SARS-CoV-2 de visons para humanos na Dinamarca e nos Países Baixos (Statens Serum Institut, 2020; Dyer, 2020; Hammer et al., 2021; Munnink et al., 2021). Autoridades em saúde pública da União Europeia declararam que todas as fazendas de criação de visons são consideradas em risco, devendo-se realizar monitoramento ativo para a detecção precoce da infecção e a eliminação de plantéis em que forem verificados casos de infecção pelo SARS-CoV-2 (European Food Safety Authority et al., 2021). Harrington et al. (2021) alertou para o possível risco do extravasamento das cepas mais adaptadas para as populações selvagens de visons, hipótese confirmada por Aguiló-Gisbert et al. (2021) poucos meses depois, quando encontrou dois visons de vida livre portadores do SARS-CoV-2 na Espanha. A rápida transmissão do SARS-CoV-2 adaptado à espécie e as altas taxas de mortalidade em animais confinados tornam alarmantes e imprevisíveis as consequências da difusão do novo coronavírus nas populações selvagens de visons. Manes et al. (2020) sugerem que a rápida adaptação do SARS-CoV-2 em mustelídeos pode dar início a uma panzoonose.

Padilla-Blanco et al. (2022) reportaram a presença de SARS-CoV-2 em uma lontra europeia (*Lutra lutra*) em um reservatório de água em Valencia, Espanha. Os pesquisadores detectaram o vírus através de dois kits de provas do tipo PCR, e realizaram a genotipagem do vírus encontrado. A análise da sequência genética demonstrou que grande parte do material genético do SARS-CoV-2 que infectava a lontra era comum a cepas que circulam entre humanos, porém outras sequências eram divergentes das cepas conhecidas. Esse arranjo genético configura uma variedade única do vírus, e sugere que mutações do SARS-CoV-2 podem estar em evolução em populações de hospedeiros da família Mustelidae.

Espécies da família Procyonidae demonstraram alguma susceptibilidade ao SARS-CoV-2. Freuling et al. (2020) realizaram um estudo experimental com infecção induzida por spray intranasal contendo SARS-CoV-2 que demonstrou que o guaxinim (*Procyon lotor*) são suscetíveis à infecção pelo vírus e podem transmitir a outros indivíduos por contato direto. Os guaxinins infectados apresentaram sinais clínicos sutis. O estudo histopatológico demonstrou evidências de replicação viral e lesões teciduais somente nas conchas nasais. O estudo também demonstrou que animais infectados experimentalmente são capazes de transmitir o SARS-CoV-2 a outros não-infectados através do contato direto. Allender et al. (2022) realizou exames do tipo PCR em amostras de nasofaringe em animais do zoológico de Chicago, Estados Unidos da América, e encontrou positividade para o SARS-CoV-2 em um quati (*Nasua nasua*). O animal não demonstrou sinais clínicos da doença. Estudos mais aprofundados sobre a possibilidade de infecção em Procyonidae de vida livre são necessários, uma vez que esses animais costumam frequentar ambientes antrópicos em busca de comida (Demeny et al., 2019; Barcelar et al., 2022), com a possibilidade de contato e contaminação direta ou indireta por seres humanos.

Cães domésticos (*Canis familiaris*) são os animais de companhia mais populares no mundo, em contato íntimo com seus proprietários, e por esse motivo muito mais estudados que outras espécies de animais quanto à possibilidade de infecção pelo novo coronaríus. SARS-CoV-2 foi detectado em cães domésticos (*Canis familiaris*) em diversos estudos, porém esses

animais apresentam-se assintomáticos ou com sinais e sintomas leves durante a infecção (Sit et al., 2020; Hamer et al., 2022; Barroso-Arévalo et al., 2022; Jairak et al., 2022; Medkour et al., 2022; Rivero et al., 2022; Zambrano-Mila et al., 2022). Embora a afinidade do receptor ACE2 de cães para o SARS-CoV-2 seja considerada alta (Wu et al., 2020; Koley et al., 2021; Ma & Gong, 2021; Zhang et al., 2021), esse fator não é o único preditor de susceptibilidade ao vírus (Wu et al., 2020; Koley et al., 2021; Ma & Gong, 2021; Piplani et al., 2021). Patterson et al. (2020) examinaram 919 cães domésticos na Itália no auge da pandemia nesse país, encontrando anticorpos contra o SARS-CoV-2 em 3,3% desses animais, porém nenhum cão foi positivo ao exame de PCR para a detecção de partículas virais. Barroso et al. (2022), em pesquisa com 22 cães em Portugal cujos donos foram positivos para o SARS-CoV-2, encontrou soropositividade em 50% dos animais, porém o PCR foi reativo em somente um cão. Esses resultados evidenciam que *Canis familiaris* não configura um bom hospedeiro ou possui mecanismos de defesa imune eficientes para as cepas do vírus circulantes naqueles países. Até o momento, não há evidências de transmissão do SARS-CoV-2 de cães para humanos (Naderi et al., 2022; Oliveira et al., 2022).

Zambrano-Mila et al. (2022) analisaram amostras de esfregaços orais e nasais de três cães de comunidades indígenas amazônicas com alta prevalência de COVID-19 entre humanos. Foram utilizados dois kits de PCR que analisavam diferentes partículas virais para a confirmação da presença do vírus. O resultado evidenciou a positividade para os três cães examinados. Os autores ressaltam que é preocupante a ocorrência de SARS-CoV-2 em cães que vivem na floresta amazônica, pelo risco de transmissão para outros animais da fauna nativa que interajam com os animais de estimação, representando um risco sob a ótica da saúde única.

Gatos domésticos (*Felis catus*), assim como os cães, são animais de estimação expostos ao contato com o vírus SARS-CoV-2 pela proximidade com humanos infectados. Gatos apresentam susceptibilidade ao vírus, verificada tanto por infecções experimentais (Gaudreault et al., 2020; Bosco-Lauth et al., 2020; Halfmann et al., 2020; Shi et al., 2020; Braun et al., 2021; Patania et al., 2022) como pela descoberta de animais que adquiriram a infecção naturalmente (Ruiz-Arrondo et al., 2020; Aart et al., 2021; Barroso-Arévalo et al., 2021; Curukoglu et al., 2021; Brandão et al., 2021; Hosie et al., 2021; Klaus et al., 2021; Natale et al., 2021; Pagani et al., 2021; Barroso et al., 2022; Jairak et al., 2022; Mohebbi et al., 2022). Muitos gatos apresentaram manifestações clínicas (Gaudreault et al., 2020; Bosco-Lauth et al., 2020; Halfmann et al., 2020; Shi et al., 2020; Aart et al., 2021; Brandão et al., 2021; Braun et al., 2021; Hosie et al., 2021; Natale et al., 2021; Pagani et al., 2021; Patania et al., 2022) com graus variáveis de severidade. Brandão et al. (2021) assinalam uma das características mais comuns nos gatos domesticados examinados: o livre acesso ao ambiente fora da casa. Esse hábito é particularmente importante para um potencial incremento na viabilidade de dispersão do vírus, uma vez que esses gatos na circulação fora de casa têm contato com humanos, gatos e animais de outras espécies. As possibilidades de transmissão por via zoonótica e por zoonose reversa do SARS-CoV-2 são ainda mais plausíveis uma vez que pesquisas evidenciam a transmissão do vírus diretamente entre gatos (Gaudreault et al., 2020; Halfmann et al., 2020; Braun et al., 2021; Shi et al., 2020; Barroso et al., 2022), e entre gatos e outras espécies, como a aquisição do vírus transmitidos por visons (Aart et al., 2021). Ainda que Chaintoutis et al. (2022) afirme que não há registro de mutações adaptativas em cepas de SARS-CoV-2 encontradas em gatos quando comparadas às cepas circulantes entre humanos, Braun et al. (2021) constatou que a variedade Ômicron com mutação na posição do aminoácido H655Y teve rápida transmissão entre gatos em condições experimentais, resultando em uma afinidade específica que enseja investigações mais aprofundadas. A mutação na posição do aminoácido H655Y na espícula do vírus é encontrada em muitas das “subvariantes de interesse”, segundo classificação da Organização Mundial da Saúde, com potencial para escape à imunidade conferida pelos antígenos vacinais utilizados na atualidade (Harvey et al., 2021; Ou et al., 2022).

Grandes felinos são susceptíveis a infecções pelo SARS-CoV-2. Foram registrados casos de infecção natural em felinos do gênero *Panthera*, como leões (*Panthera leo*) em ambiente selvagem (Mishra et al., 2021) e em zoológicos (Bartlett et al., 2021; Fernández-Bellon et al., 2021; McAloose et al., 2021; Karikalan et al., 2021; Nagy et al., 2022); tigres (*Panthera tigris*)

em cativo (McAloose et al., 2020; Wang et al., 2020; Bartlett et al., 2021; Cushing et al., 2021; Grome et al., 2022; Nagy et al., 2022); leopardos (*Panthera pardus*) em ambiente selvagem (Mahajan et al., 2022); e leopardo-das-neves (*Panthera uncia*) em zoológico (Wang et al., 2022). Foi relatada também infecção pelo SARS-CoV-2 em suçuarana (*Puma concolor*) (Giraldo-Ramírez et al., 2021). Assim com os gatos domésticos, alguns animais apresentaram sinais e sintomas com severidade variável (McAloose et al., 2020; Bartlett et al., 2021; Cushing et al., 2021; Fernández-Bellon et al., 2021; Karikalan et al., 2021; Grome et al., 2022). A incidência de SARS-CoV-2 da variedade Delta, com indivíduos sintomáticos entre leões asiáticos selvagens (Mishra et al., 2021) é preocupante pela ameaça à população de apenas 523 indivíduos remanescentes dessa subespécie na natureza, em uma região restrita da província de Gujarat, Índia, segundo estimativa realizada no ano de 2018 (Singh, 2018).

Veados-de-cauda-branca (*Odocoileus virginianus*) são os cervídeos mais comuns na América do Norte. Esses animais são altamente suscetíveis à infecção pelo SARS-CoV-2. Em uma pesquisa com 151 veados em Iowa, Estados Unidos da América, Kuchipudi et al. (2022) encontraram material genético do vírus em 33,2% dos animais, com um pico epidêmico entre 23 de novembro de 2020 e 10 de janeiro de 2021, em que 82,5% dos indivíduos examinados foram positivos para exames de PCR para a detecção do SARS-CoV-2. A análise genética identificou 12 linhagens diferentes do SARS-CoV-2, e a coincidência na predominância das cepas circulantes em veados e humanos segundo a distribuição geográfica sugere que houveram múltiplos eventos de propagação por zoonose reversa, além da transmissão do SARS-CoV-2 entre veados. Hale et al. (2022) realizaram uma pesquisa semelhante no estado de Ohio, e entre 360 animais, 129 (35,8%) foram positivos para a detecção do SARS-CoV-2 através da técnica de PCR, com registro de três linhagens diferentes do vírus. Vandegrift et al. (2022) detectaram SARS-CoV-2 através do exame de PCR usando material obtido de esfregaços nasais de veados-de-cauda-branca em Staten Island, Nova York, e encontraram positividade em 7 das 68 (10,29%) dos cervos amostrados. O sequenciamento do genoma viral identificou que a variedade Ômicron do SARS-CoV-2 circulante entre os veados é filogeneticamente próxima à predominante em humanos da cidade de Nova York. Marques et al. (2022) realizaram uma pesquisa no estado da Pensilvânia, Estados Unidos da América, em que examinaram 123 amostras de esfregaço nasal de *Odocoileus virginianus* analisadas por PCR, das quais 20 (16,3%) apresentaram positividade para SARS-CoV-2. Foram encontradas variantes alfa e delta.

Chandler et al. (2021) realizaram uma investigação em quatro estados do mesmo país que envolveu a análise da sorologia de 385 amostras de sangue de veados-de-cauda-branca que viviam no entorno de cidades revelou que 485 dos animais possuíam anticorpos contra o SARS-CoV-2, confirmando a exposição ao vírus. A sorologia de veados-de-cauda-branca em animais de vida livre no Texas revelou que no ano de 2020 não foi encontrada nenhuma amostra com sorologia positiva para anticorpos contra o SARS-CoV-2, porém entre as 54 amostras coletadas no ano de 2021, 20 (37%) foram positivas (Palermo et al., 2021). Esses resultados apontam para uma alta taxa de prevalência do SARS-CoV-2 nas populações dessa espécie em uma ampla distribuição geográfica nos Estados Unidos da América.

Infecções experimentais de indivíduos de veados-de-cauda-branca confirmaram uma alta taxa de transmissão do vírus entre os animais, além de tropismo e multiplicação do SARS-CoV-2 em diversos tecidos orgânicos dessa espécie. As infecções foram consideradas subclínicas, porém a carga viral dispersada através da secreção nasal e das fezes dos animais infectados foi considerada alta, assim como as taxas de transmissão entre indivíduos de *Odocoileus virginianus* (Palmer et al., 2021; Martins et al., 2022).

Para além da alta taxa de incidência, uma característica importante para o curso epidemiológico do SARS-CoV-2 em veados-de-cauda-branca é a multiplicidade de cepas circulantes entre esses animais, conforme verificado por Chandler et al. (2021), Marques et al. (2022) e Kuchipudi et al. (2022). Marques et al. (2022) verificaram que a linhagem alfa persistiu na população de veados após a substituição da prevalência em humanos pela variedade delta, e o genótipo das variantes alfa obtidas de veados divergiram significativamente daquelas que infectam humanos, apresentando mutações condizentes com a adaptabilidade à nova espécie hospedeira. Hale et al. (2021) indicaram que a transmissão viral entre veados dos vírus B.1.2,



B.1.582 e B.1.596, permitiu que o vírus apresentasse alterações na proteína da espícula, incluindo o domínio de ligação do receptor, e outras mutações poucos frequentes em cepas que circulam entre humanos. Pickering et al. (2022) identificaram uma nova linhagem altamente divergente do SARS-CoV-2 em um cervo-de-cauda-branca em Ontario, Canadá. Esta linhagem é a que possui maior número de alterações no genótipo identificada até o momento, com 76 mutações, incluindo 37 alterações no genótipo viral anteriormente associadas a hospedeiros não-humanos.

Embora não haja evidências de contaminação de humanos pelo contato com veados-de-cauda-branca (Hale et al., 2022), existe um grande potencial para uma eventual transmissão, incluindo novas variantes do SARS-CoV-2, uma vez que esses animais frequentam ambientes periurbanos (Chandler et al., 2021; Hale et al., 2021; Kuchipudi et al., 2022). Veados-de-cauda-branca são apreciados como carne de caça (Briceño-Méndez et al., 2021), e o consumo desse animal na alimentação humana oferece um risco de infecção atípica, porém não improvável, devido à multiplicação do vírus em uma ampla variedade de tecidos e órgãos nessa espécie de cervídeo (Palmer et al., 2021; Martins et al., 2022).

As características estruturais do receptor ACE2 de primatas do velho mundo são preditores de uma alta susceptibilidade desses animais ao SARS-CoV-2, pois apresentam até 99% de semelhança com a proteína ACE2 humana (Damas et al., 2020; Melin et al., 2020; Shi et al., 2020). Grandes primatas são susceptíveis a muitas das doenças que afetam humanos pela afinidade genética, especialmente viroses respiratórias (Spelman et al., 2013; Negrey et al., 2019). Infecções experimentais verificaram a susceptibilidade de macacos rhesus (*Macaca mulatta* e *Macaca fascicularis*), com sinais, sintomas e evolução da patogenia semelhante à da COVID-19 em humanos (Lu et al., 2020; Munster et al., 2020; Rockx et al., 2020; Shan et al., 2020; Zheng et al., 2020). O contato com humanos foi a fonte de contaminação de gorilas (*Gorilla beringei*) em zoológicos (Nagy et al., 2022; Islam et al., 2021; Gibbons, 2021), com sintomas leves de infecção respiratória. A possibilidade de zoonose reversa para grandes símios, incluindo chimpanzés e gorilas, ensejou a implementação de medidas de proteção em reservas de vida selvagem em toda a África e Ásia (Gibbons, 2021). Macacos não-primatas do novo mundo apresentam baixa susceptibilidade ao SARS-CoV-2 (Lu et al., 2020; Liu et al., 2020), possivelmente pela menor afinidade do receptor ACE2, que apresenta similitude de 92% em relação ao receptor celular de humanos, com quatro diferenças entre os doze locais de ligação considerados essenciais para o acoplamento do SARS-CoV-2 (Melin et al., 2020; Bhattacharjee et al., 2021; Abreu et al., 2021). Pesquisas realizadas no Brasil com macacos de vida livre não encontraram sinais de infecções nesses animais (Sacchetto et al., 2020; Abreu et al., 2021).

Outras espécies de animais em cativeiro apresentaram testes positivos par o SARS-CoV-2, como hipopótamos (*Hippopotamus amphibius*) (BBC, 2021), urso-gato-asiático (*Arctictis binturong*), hiena-malhada (*Crocuta crocuta*) e mandril (*Mandrillus sphinx*) (USDA APHIS, 2022), demonstrando a possibilidade de um número maior de hospedeiros para o vírus pandêmico.

**Tabela 1** – Espécies susceptíveis ao SARS-CoV-2, testes para comprovação da infecção, forma de infecção, presença de sintomas e referências.

Espécie	Teste para detecção	Forma de infecção	Presença de sintomas	Autor
<i>Rousettus aegyptiacus</i> Morcego frugívoro egípcio	PCR	Experimental	Sim	Schlottau et al., 2020
<i>Oryctolagus cuniculus</i> Coelho europeu	PCR	Experimental	Não	Mykytyn et al., 2021
<i>Mesocricetus auratus</i> Hamster dourado	PCR	Experimental e retrozoonótica	Sim	Sai et al., 2020; Dowall et al., 2021; Song et al., 2021; Blaurock et al., 2022; Yen et al., 2022
<i>Peromyscus maniculatus</i> Rato-veadeiro	PCR e sorologia	Experimental	Não	Fagre et al., 2021

<i>Neotoma lepida</i> Rato-do-deserto	PCR e sorologia	Experimental	Não	Fagre et al., 2021
<i>Mustela putorius</i> Furão	PCR e sorologia	Experimental e retrozoonótica	Sim	Giner et al., 2021; Gortázar et al., 2021; Račnik et al., 2021; Shi et al., 2020; Ryan et al., 2021; Monchatre-Leroy et al., 2021; Kim et al., 2020; Kutter et al., 2021; Richard et al., 2021; Sawatzki et al., 2021
<i>Mustela vison</i> Vison Europeu; <i>Neovison vison</i> Vison americano	PCR e sorologia	Experimental e retrozoonótica	Sim	Dyer, 2020; Frutos & Devaux, 2020; Larsen & Paludan, 2020; Barua et al. 2022; Oreshkova et al., 2020; Molenaar et al., 2020; Lu et al., 2021; Munnink et al., 2021; Hammer et al., 2021; Rabalski et al., 2020; Eckstrand et al., 2021; Sharun et al., 2021; Aguiló-Gisbert et al., 2021
<i>Lutra lutra</i> Lontra europeia	PCR	Retrozoonótica	Sim	Padilla-Blanco et al., 2022
<i>Procyon lotor</i> Guaxinim	PCR	Experimental	Não	Freuling et al., 2020
<i>Nasua nasua</i> Quati	PCR	Retrozoonótica	Não	Allender et al., 2022
<i>Canis familiaris</i> Cão doméstico	PCR e sorologia	Experimental e retrozoonótica	Assintomáticos ou com sintomas leves	Sit et al., 2020; Hamer et al., 2022; Barroso-Arévalo et al., 2022; Jairak et al., 2022; Medkour et al., 2022; Rivero et al., 2022; Zambrano-Mila et al., 2022; Patterson et al., 2020; Barroso et al., 2022; Zambrano-Mila et al., 2022
<i>Felis catus</i> Gato doméstico	PCR e sorologia	Experimental e retrozoonótica	Sim, em graus variáveis	Gaudreault et al., 2020; Bosco-Lauth et al., 2020; Halfmann et al., 2020; Shi et al., 2020; Braun et al. 2021; Patania et al., 2022; Ruiz-Arrondo et al., 2020; Aart et al., 2021; Barroso-Arévalo et al., 2021; Curukoglu et al., 2021; Brandão et al. 2021; Hosie et al., 2021; Klaus et al., 2021; Natale et al., 2021; Pagani et al., 2021; Barroso et al., 2022; Jairak et al., 2022, Mohebalí et al., 2022
<i>Panthera leo</i> Leão	PCR	Retrozoonótica	Sim	Mishra et al., 2021; Bartlett et al., 2021; Fernández-Bellon et al., 2021; McAloose et al., 2021; Karikalan et al., 2021; Nagy et al., 2022
<i>Panthera tigris</i> Tigre	PCR	Retrozoonótica	Sim	McAloose et al., 2020; Wang et al., 2020; Bartlett et al., 2021; Cushing et al., 2021; Grome et al., 2022; Nagy et al., 2022
<i>Panthera pardus</i> Leopardo	PCR	Retrozoonótica	Sim	Mahajan et al., 2022
<i>Panthera uncia</i> Leopardo-das-neves	PCR	Retrozoonótica	Sim	Wang et al., 2022

<i>Puma concolor</i> Suarana	PCR	Retrozoonótica	Não informado	Giraldo-Ramírez et al., 2021
<i>Odocoileus virginianus</i> Veado-de-cauda-branca	PCR e sorologia	Experimental e retrozoonótica	Não	Palmer et al., 2021; Martins et al., 2022; Kuchipudi et al., 2022; Hale et al., 2022; Vandegrift et al., 2022; Marques et al., 2022; Chandler et al., 2021; Palermo et al., 2021; Pickering et al. (2022)
<i>Macaca mulatta</i> e <i>Macaca fascicularis</i> Macaco rhesus	PCR e sorologia	Experimental	Sim	Lu et al., 2020; Munster et al., 2020; Rockx et al., 2020; Shan et al., 2020; Zheng et al., 2020
<i>Gorilla beringei</i> Gorila	PCR	Retrozoonótica	Sim	Nagy et al., 2022; Islam et al., 2021; Gibbons, 2021
<i>Hippopotamus amphibius</i> Hipopótamo	PCR	Retrozoonótica	Sim	BBC, 2021
<i>Arctictis binturong</i> Urso-gato-asiático	PCR	Retrozoonótica	Não informado	USDA APHIS, 2022
<i>Crocuta crocuta</i> Hiena-malhada	PCR	Retrozoonótica	Não informado	USDA APHIS, 2022
<i>Mandrillus sphinx</i> Mandril	PCR	Retrozoonótica	Não informado	USDA APHIS, 2022

Fonte: Autores.

De acordo com a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura, Saúde Única (One Health) é uma abordagem integrada e unificadora que visa equilibrar e otimizar de forma sustentável a saúde das pessoas, dos animais e dos ecossistemas. Ela reconhece que a saúde dos seres humanos, animais domésticos e selvagens, plantas e o meio ambiente em geral (incluindo os ecossistemas) são intimamente ligados e interdependentes (One Level Health High-Level Expert Panel, 2022). Trata-se de uma abordagem abrangente para a compreensão dos riscos para a saúde humana e animal, incluindo animais domésticos e animais selvagens, e a saúde do ecossistema como um todo. Estes princípios são fundamentais para uma análise crítica das abordagens colaborativas e interdisciplinares para responder a doenças emergentes e reemergentes. Um fator fundamental nessa análise é a inclusão da saúde animal e o equilíbrio do meio ambiente como componentes da prevenção, vigilância, controle e mitigação de doenças globais. A análise da pandemia através da ótica de Saúde Única é, portanto, a abordagem mais adequada em razão da origem zoonótica e possível zoonose reversa das dinâmicas de transmissão do SARS-CoV-2. Segundo Winck et al. (2022), surtos de doenças zoonóticas são resultados de uma interligação ecológica, socioeconômica e processos demográficos que determinam condições para maior contato entre a população humana vulnerável e da vida selvagem em áreas em degradação ambiental e para a rápida propagação geográfica das infecções. Essas circunstâncias são verificadas tanto nas hipóteses de surgimento do SARS-CoV-2 como patógeno humano como na possível perpetuação do vírus através da zoonose reversa, caracterizando a pandemia como um evento indissociável das condições ambientais.

A evolução das diversas variantes do vírus pode estar relacionada ao contínuo transbordamento entre espécies. Wei et al. (2021) e Sun et al. (2021) analisaram o sequenciamento genético da variante Ômicron e descobriram que essa cepa apresentava mutações adaptadas a roedores, o que sugere que a Ômicron pode ter evoluído a partir desses hospedeiros. As mutações na proteína de ligação a receptores celulares da Ômicron têm implicações potenciais para a progressão da pandemia e para o possível escape a alguns tipos de vacinas que utilizam a espícula do vírus como antígeno na imunização (Sun et al., 2021; Shreshtha et al., 2022; Konishi, 2022). A variante adaptada a visons, com mutações no cluster 5, infectou até 68% dos empregados em fazendas de criação desses animais (Molenaar et al., 2020; Oreshkova et al., 2020; Hammer et al., 2021).

Cui et al. (2022) apontam que a variante Delta foi a predominante entre as infecções em animais, porém foram detectadas

infecções por todas as demais variantes de maior circulação nas distintas espécies investigadas, indicando que existem poucas barreiras para a transmissão entre espécies. Segundo Bashor et al. (2021), até outubro de 2021 haviam sido detectadas 14 variantes emergentes do vírus SARS-CoV-2 em animais, com mutações na estrutura do capsídeo, espícula e em genes não-estruturais. Esses pesquisadores alertam que a rápida seleção das variantes do SARS-CoV-2 em animais ilustram que o transbordamento da infecção para novos hospedeiros acelera a evolução de novas linhagens virais, revelando a plasticidade adaptativa desse coronavírus. Um aspecto preocupante é a grande capacidade dos coronavírus em geral de recombinação do RNA, expandindo a diversidade genética desse patógeno através de novas cepas (Goldstein et al., 2021). Recombinação genética é o processo pelo qual as moléculas de ácido nucléico do RNA viral trocam fragmentos, gerando uma nova molécula, com diferenças na expressão gênica com possíveis mudanças na estrutura viral ou capacidade infectiva. Processos de recombinação são, juntamente às mutações, os principais meios de ampliação da variabilidade genética. A evolução do vírus pela seleção natural em diferentes espécies, com diversidade nas características bioquímicas e imunológicas, seleciona variedades mais adaptadas que garantem a perpetuação dos vírus com novas características. Novas variedades podem exibir aptidões em termos de infectividade e transmissão diferentes das variedades que as originaram, inclusive com o desenvolvimento de capacidades para o salto entre espécies que caracterizam o processo zoonótico. Nesse sentido, a adaptação do SARS-CoV-2 como patógeno viável em animais oferece múltiplos riscos na evolução do vírus para outras espécies de mamíferos, incluindo os ainda não susceptíveis ao vírus, e para seres humanos.

Animais podem tornar-se reservatórios de cepas que deixaram de ser prevalentes em humanos, porém podem ser reintroduzidas na população por via zoonótica. A multiplicidade de hospedeiros também reflete na variedade de adaptações por via mutacional, gerando uma quantidade maior de variantes e incrementando as possibilidades de novas ondas epidêmicas entre animais e humanos. A maior abundância de mutações também pode ter reflexos no escape à resposta imune induzida por vacinas que utilizam proteínas virais de cepas com características estruturais diferentes das existentes em novas variantes.

A introdução de novos patógenos em populações sensíveis pode ter impactos dramáticos no meio ambiente. As epidemias de febre amarela, por exemplo, tiveram como consequência a drástica redução ou extinção local de espécies de macacos no Brasil e Argentina, (Almeida et al., 2012; Moreno et al., 2015; Andrade et al., 2021; Possamai et al., 2022), além da transmissão zoonótica com reflexos na população humana. As consequências da circulação do SARS-CoV-2 entre animais susceptíveis e passíveis de desenvolver a doença em ambientes selvagens ultrapassa a questão de danos a uma só espécie animal: a redução populacional ou extinção de uma espécie afeta todo o equilíbrio do ecossistema, com resultados que podem comprometer até a espécies não sujeitas à infecção pelo novo coronavírus em decorrência do desequilíbrio ambiental nas cadeias alimentares, na dispersão de sementes, polinização e outros mecanismos de regulação e interações entre componentes bióticos.

Além da transmissão do vírus pelo contato direto entre humanos e animais, o SARS-CoV-2 tem potencial para ser transmitido por via indireta, por contaminação ambiental. Diversas pesquisas demonstram a presença de partículas virais viáveis em águas residuais e esgoto (Barcelo, 2020; Bivins et al., 2020; Lee et al., 2020; Martin et al., 2020; Westhaus et al., 2021; Zaneti et al., 2021). A pressão ambiental, com a exposição de animais a elevadas cargas de patógenos de forma contínua, é fonte de infecção e manutenção de patógenos em animais que frequentam ambientes aquáticos contaminados por esgoto doméstico, especialmente quanto a microrganismos com potencial zoonótico (Feng e Xiao, 2011; Armon e Cheruti, 2012; Norberg et al., 2020). Franklin e Bevins (2020) chamam a atenção para o potencial de perpetuação do SARS-COV-2 através da contaminação de águas residuais e consequente colonização ou infecção de animais. A contaminação de uma lontra-europeia em um reservatório de água na Espanha (Padilla-Blanco et al.; 2022) pode ter relação com esse tipo de contaminação indireta. Mustelídeos estão entre os animais mais susceptíveis ao SARS-CoV-2 e diversas espécies dessa família possuem hábitos aquáticos. Não encontramos na literatura científica atual investigações sobre a presença de SARS-CoV-2 entre lontras e ariranhas na América do Sul, animais potencialmente capazes de sustentar uma infecção pelo vírus. Mamíferos marinhos, como focas e

baleias, possuem receptores ACE2 com alta compatibilidade para a espícula do SARS-CoV-2, e representam um grupo de alto risco para a contaminação pelo vírus circulante em águas contaminadas (Damas et al., 2002; Mathavarajah et al., 2021; Gao et al., 2021; Li et al., 2022).

Locais com aglomeração de animais em contato com humanos facilitam a transmissão do vírus entre espécies. Os surtos em fazendas de criação de visons foram facilitados pelo acúmulo de gaiolas adjacentes. Essas instalações permitem tanto o livre fluxo de ar quanto o contato com animais dentro de instalações com alta densidade de indivíduos, que conjugadas a condições higiênicas precárias e fatores de estresse decorrentes da superpopulação de visons, propiciaram a disseminação do SARS-CoV-2 e criaram oportunidades para variantes virais (Díaz et al., 2021). Zoológicos podem possuir as mesmas condicionantes de fazendas de criação de animais, e a maior circulação de visitantes e tratadores pode refletir em um maior número de eventos de transmissão de humanos para animais (McAloose et al., 2020) e, conseqüentemente, de infecções por cepas diferentes, aumentando o potencial de adaptação do vírus às mais diversas espécies de animais confinados nesses estabelecimentos.

Enquanto o monitoramento em fazendas de criação, zoológicos e animais de estimação seja relativamente mais fácil, pelo acesso a diagnóstico veterinário e a vigilância constante de possíveis sinais e sintomas, pesquisas em animais de vida livre são basicamente fortuitas e relativamente escassas. Tal fato sugere que a quantidade de espécies susceptíveis e já afetadas pela incidência do SARS-CoV-2 pode ser subestimada. A constatação da incidência de SARS-CoV-2 em veados-de-cauda-branca em diversas partes dos Estados Unidos da América logo após o alerta da pesquisa realizada por Chandler et al. (2021) ilustra que a detecção do novo coronavírus como zoonose reversa pode ser realizada de forma tardia, quando uma população já foi amplamente afetada. O desconhecimento da magnitude da zoonose reversa do SARS-CoV-2 em países megadiversos como o Brasil representa um risco tanto para a mastofauna como para o ecossistema e as populações humanas em um contexto mais abrangente sob o prisma da Saúde Única.

#### **4. Conclusão**

SARS-CoV-2 é um vírus de origem zoonótica. Pesquisas recentes apontam que o vírus mostrou potencial de zoonose reversa, infectando mamíferos em diversas partes do planeta. Mustelídeos, hamsters, felinos e primatas do velho mundo são os animais que apresentaram maior susceptibilidade ao SARS-CoV-2. A zoonose reversa do SARS-COV-2 favoreceu o surgimento de variantes cujas mutações mostraram-se adaptadas às diversas características fisiológicas particulares das espécies afetadas. A infecção de uma grande quantidade de espécies de mamíferos com cepas variadas aumenta o risco de adaptabilidade do vírus, assim como o potencial de mutabilidade e circulação de cepas que podem retornar a humanos, com novas características e com a possibilidade de escape à imunização vacinal com antígenos de cepas diferentes da nova variante. O processo de evolução do vírus aponta que o SARS-CoV-2 provavelmente será persistente entre mamíferos após a onda pandêmica que afetou a humanidade. Eventos de transmissão do SARS-CoV-2 de animais para humanos já foram registrados, comprovando a capacidade interespecífica de infecção do vírus. O transbordamento do SARS-CoV-2 para animais de vida livre sensíveis ao vírus pode ter conseqüências para a população dessas espécies, com aspectos de morbidade e mortalidade imprevisíveis.

Ações de mitigação dos processos de zoonose e zoonose reversa do SARS-CoV-2 requerem ações em três níveis. O primeiro nível é o da população humana, pois a transmissão entre humanos é indiscutivelmente o principal motor da dispersão do novo coronavírus. A intensificação dos mecanismos de prevenção e imunização de toda a população é imprescindível para acelerar o decréscimo da incidência do vírus. A atualização dos antígenos vacinais com proteínas virais de cepas emergentes antes que sejam prevalentes é um passo importante na tentativa de impedir o avanço de novas variantes que podem adaptar-se a novos hospedeiros. O segundo nível é na relação entre humanos e animais de contato direto. O isolamento social de humanos juntamente a seus animais de estimação e a realização de testes periódicos para garantir que não haverá transmissão viral após o período de reclusão são medidas que devem ser adotadas nos protocolos de saúde pública. A testagem para a presença do SARS-

CoV-2 entre humanos que lidam com animais ou visitantes de zoológicos também é um tipo de medida que auxiliaria na diminuição da transmissão entre espécies. O terceiro nível é referente às populações de animais no ambiente. Medidas de controle são desafiadoras em animais de vida livre. A intensificação do número de amostras e o incremento da vigilância epidemiológica para um número maior de espécies pode ser importante para o reconhecimento de novas variantes, de ameaças à saúde da fauna local e de possíveis medidas de controle relacionadas às dinâmicas na relação entre animais e o meio ambiente que possam ocasionar a transmissão zoonótica ou entre espécies. Cui et al. (2022) sugerem a utilização de vacinas veterinárias contra o SARS-CoV-2, já comercialmente disponíveis, ou o desenvolvimento de vacinas orais ou de dispersão na água ou ambiente, estratégia experimental utilizada para controlar a raiva na vida selvagem. Um exemplo de utilização dessa estratégia foi a vacinação de aves com a vacina contra o vírus da influenza H5/H7, que não só preveniu com sucesso a influenza em aves, mas também evitou a infecção humana com o vírus H7N9 na China (Xiang et al., 2022). Essas estratégias, factíveis em animais domésticos e de criação extensiva, seriam eficazes somente em pequenas populações de animais de vida livre e demandam grandes esforços e custos. Efeitos abrangentes da expansão do SARS-CoV-2 para outras espécies sinalizam que a adoção de medidas de prevenção da zoonose reversa são as mais indicadas para diminuir os prejuízos decorrentes da evolução dos vírus em relação ao número de hospedeiros.

Pesquisas sobre a infecção do SARS-CoV-2 em animais de vida livre, especialmente em ambientes selvagens, são escassas e a descoberta da infecção é incidental, muitas vezes após populações inteiras apresentarem infecção, como foi o caso dos veados-de-cauda-branca. Mustelídeos são particularmente susceptíveis ao SARS-CoV-2 e em nossa pesquisa não encontramos nenhuma referência a espécies dessa família de mamíferos na América do Sul, ainda que esses animais estejam sujeitos à infecção indireta pela contaminação da água com partículas viáveis do SARS-CoV-2. Sugerimos que investigações sobre a presença do SARS-CoV-2 em animais de vida livre sejam intensificadas a fim de evitar consequências pouco conhecidas para a fauna, meio ambiente e populações humanas.

## Referências

- Aart, A. E., Velkers, F. C., Fischer, E. A. J., Broens, E. M., Egberink, H., Zhao, S., Engelsma, M., Hakze-van der Honing, R. W., Harders, F., Rooij, M. M. T., Radstake, C., Meijer, P. A., Oude Munnink, B. B., Rond, J., Sikkema, R. S., Spek, A. N., Spienburg, M., Wolters, W. J., Molenaar, R., ... Smit, L. A. M. (2021). SARS-CoV-2 infection in cats and dogs in infected mink farms. *Transboundary and Emerging Diseases*, tbed.14173. <https://doi.org/10.1111/tbed.14173>
- Abreu, F. V. S. de, Macedo, M. V., da Silva, A. J. J., de Oliveira, C. H., de Ottone, V. O., de Almeida, M. A. B., dos Santos, E., da Cardoso, J. C., Campos, A. S., da Silva, C. M. D., da Silva, A. G., de Andrade, M. S., Bernis, V. M. O., Bernis Filho, W. O., de Trindade, G. S., Albuquerque, G. R., da Sevá, A. P., Ribeiro, B. M., Teixeira, D. S., ... de Oliveira, D. B. (2021). No Evidence of SARS-CoV-2 Infection in Neotropical Primates Sampled During COVID-19 Pandemic in Minas Gerais and Rio Grande do Sul, Brazil. *EcoHealth*, 18(4), 414–420. <https://doi.org/10.1007/s10393-021-01569-1>
- Aguiló-Gisbert, J., Padilla-Blanco, M., Lizana, V., Maiques, E., Muñoz-Baquero, M., Chillida-Martínez, E., Cardells, J., & Rubio-Guerri, C. (2021). First Description of SARS-CoV-2 Infection in Two Feral American Mink (*Neovison vison*) Caught in the Wild. *Animals*, 11(5), 1422. <https://doi.org/10.3390/ani11051422>
- Alexander, M. R., Schoeder, C. T., Brown, J. A., Smart, C. D., Moth, C., Wiksw, J. P., Capra, J. A., Meiler, J., Chen, W., & Madhur, M. S. (2020). Predicting susceptibility to SARS-CoV-2 infection based on structural differences in ACE2 across species. *The FASEB Journal*, 34(12), 15946–15960. <https://doi.org/10.1096/fj.202001808R>
- Allender, M. C., Adkesson, M. J., Langan, J. N., Delk, K. W., Meehan, T., Aitken-Palmer, C., McEntire, M. M., Killian, M. L., Torchetti, M., Morales, S. A., Austin, C., Fredrickson, R., Olmstead, C., Ke, R., Smith, R., Hostnik, E. T., Terio, K., & Wang, L. (2022). Multi-species outbreak of SARS-CoV-2 Delta variant in a zoological institution, with the detection in two new families of carnivores. *Transboundary and Emerging Diseases*, tbed.14662. <https://doi.org/10.1111/tbed.14662>
- Almeida, M. A. B. de, Santos, E. dos, Cardoso, J. da C., Fonseca, D. F. da, Noll, C. A., Silveira, V. R., Maeda, A. Y., Souza, R. P. de, Kanamura, C., & Brasil, R. A. (2012). Yellow fever outbreak affecting *Alouatta* populations in southern Brazil (Rio Grande do Sul State), 2008-2009. *American Journal of Primatology*, 74(1), 68–76. <https://doi.org/10.1002/ajp.21010>
- Andrade, M. de S., Campos, F. S., Campos, A. A. S., Abreu, F. V. S., Melo, F. L., Sevá, A. da P., Cardoso, J. da C., Dos Santos, E., Born, L. C., Silva, C. M. D. da, Müller, N. F. D., Oliveira, C. H. de, Silva, A. J. J. da, Simonini-Teixeira, D., Bernal-Valle, S., Mares-Guia, M. A. M. M., Albuquerque, G. R., Romano, A. P. M., Franco, A. C., ... Almeida, M. A. B. de. (2021). Real-Time Genomic Surveillance during the 2021 Re-Emergence of the Yellow Fever Virus in Rio Grande do Sul State, Brazil. *Viruses*, 13(10), 1976. <https://doi.org/10.3390/v13101976>
- Armon, R., & Cheruti, U. (2012). *Environmental aspects of zoonotic diseases* (1. publ). IWA Publ.

- Auerswald, H., Low, D. H. W., Siegers, J. Y., Ou, T., Kol, S., In, S., Linster, M., Su, Y. C. F., Mendenhall, I. H., Duong, V., Smith, G. J. D., & Karlsson, E. A. (2022). A Look inside the Replication Dynamics of SARS-CoV-2 in Blyth's Horseshoe Bat (*Rhinolophus lepidus*) Kidney Cells. *Microbiology Spectrum*, *10*(3), e00449-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00449-22>
- Bacellar, A. E. D. F., Cronemberger de Faria, C., de Souza Soares, L., de Sousa Stein, D., Alves de Oliveira Dumard Siqueira, H., Deiss de Faria, I., & Ramos Hentz Pinto, Ú. (2022). Influência da Disponibilidade de Alimentos de Origem Antrópica sobre o Comportamento Natural de *Nasua nasua* (Linnaeus, 1766) no Parque Nacional da Serra dos Órgãos, Teresópolis, Rio de Janeiro. *Biodiversidade Brasileira - BioBrasil*, *12*(1), 44–59. <https://doi.org/10.37002/biobrasil.v12i1.1844>
- Barcelo, D. (2020). An environmental and health perspective for COVID-19 outbreak: Meteorology and air quality influence, sewage epidemiology indicator, hospitals disinfection, drug therapies and recommendations. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, *8*(4), 104006. <https://doi.org/10.1016/j.jece.2020.104006>
- Barroso, R., Vieira-Pires, A., Antunes, A., & Fidalgo-Carvalho, I. (2022). Susceptibility of Pets to SARS-CoV-2 Infection: Lessons from a Seroepidemiologic Survey of Cats and Dogs in Portugal. *Microorganisms*, *10*(2), 345. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10020345>
- Barroso-Arévalo, S., Barneto, A., Ramos, Á. M., Rivera, B., Sánchez, R., Sánchez-Morales, L., Pérez-Sancho, M., Buendía, A., Ferreras, E., Ortiz-Menéndez, J. C., Moreno, I., Serres, C., Vela, C., Rivalde, M. Á., Domínguez, L., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2022). Large-scale study on virological and serological prevalence of SARS-CoV-2 in cats and dogs in Spain. *Transboundary and Emerging Diseases*, *69*(4). <https://doi.org/10.1111/tbed.14366>
- Bartlett, S. L., Diel, D. G., Wang, L., Zec, S., Laverack, M., Martins, M., Caserta, L. C., Killian, M. L., Terio, K., Olmstead, C., Delaney, M. A., Stokol, T., Ivančić, M., Jenkins-Moore, M., Ingerman, K., Teegan, T., McCann, C., Thomas, P., McAloose, D., ... Calle, P. P. (2021). SARS-CoV-2 infection and longitudinal fecal screening in Malayan tigers (*Panthera tigris jacksoni*), Amur tigers (*Panthera tigris altaica*) and African lions (*Panthera leo krugeri*) at the Bronx zoo, New York, USA. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, *51*(4). <https://doi.org/10.1638/2020-0171>
- Barua, A., Grot, N., & Plawski, A. (2022). The basis of mink susceptibility to SARS-CoV-2 infection. *Journal of Applied Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s13353-022-00689-w>
- Bashor, L., Gagne, R. B., Bosco-Lauth, A. M., Bowen, R. A., Stenglein, M., & VandeWoude, S. (2021). SARS-CoV-2 evolution in animals suggests mechanisms for rapid variant selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *118*(44), e2105253118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2105253118>
- BBC. (2021, 4 de dezembro). Belgian Zoo Hippos Test positive for covid. BBC News. <https://www.bbc.com/news/world-europe-59516896>
- Bhardwaj, A., Sapra, L., Saini, C., Azam, Z., Mishra, P. K., Verma, B., Mishra, G. C., & Srivastava, R. K. (2022). COVID-19: Immunology, Immunopathogenesis and Potential Therapies. *International Reviews of Immunology*, *41*(2), 171–206. <https://doi.org/10.1080/08830185.2021.1883600>
- Bhattacharjee, M. J., Lin, J.-J., Chang, C.-Y., Chiou, Y.-T., Li, T.-N., Tai, C.-W., Shiu, T.-F., Chen, C.-A., Chou, C.-Y., Chakraborty, P., Tseng, Y. Y., Wang, L. H.-C., & Li, W.-H. (2021). Identifying Primate ACE2 Variants That Confer Resistance to SARS-CoV-2. *Molecular Biology and Evolution*, *38*(7), 2715–2731. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab060>
- Bivins, A., Greaves, J., Fischer, R., Yinda, K. C., Ahmed, W., Kitajima, M., Munster, V. J., & Bibby, K. (2020). Persistence of SARS-CoV-2 in Water and Wastewater. *Environmental Science & Technology Letters*, *7*(12), 937–942. <https://doi.org/10.1021/acs.estlett.0c00730>
- Blaurock, C., Breithaupt, A., Weber, S., Wylezich, C., Keller, M., Mohl, B.-P., Görlich, D., Groschup, M. H., Sadeghi, B., Höper, D., Mettenleiter, T. C., & Balkema-Buschmann, A. (2022). Compellingly high SARS-CoV-2 susceptibility of Golden Syrian hamsters suggests multiple zoonotic infections of pet hamsters during the COVID-19 pandemic [Preprint]. *Microbiology*. <https://doi.org/10.1101/2022.04.19.488826>
- Bosco-Lauth, A. M., Hartwig, A. E., Porter, S. M., Gordy, P. W., Nehring, M., Byas, A. D., VandeWoude, S., Ragan, I. K., Maison, R. M., & Bowen, R. A. (2020). Experimental infection of domestic dogs and cats with SARS-CoV-2: Pathogenesis, transmission, and response to reexposure in cats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *117*(42), 26382–26388. <https://doi.org/10.1073/pnas.2013102117>
- Bouricha, E. M., Hakmi, M., Akachar, J., Belyamani, L., & Ibrahim, A. (2020). In silico analysis of ACE2 orthologues to predict animal host range with high susceptibility to SARS-CoV-2. *3 Biotech*, *10*(11), 483. <https://doi.org/10.1007/s13205-020-02471-3>
- Brandão, L. N. S., Homochiski, D. P., Oliveira, L. B. de, Oliveira, R. M. S. de, & Maciel, S. A. (2021). Detection of SARS-CoV-2 by the RT-qPCR in domestic cats. *Research, Society and Development*, *10*(9), e40110918184. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i9.18184>
- Braun, K. M., Moreno, G. K., Halfmann, P. J., Hodcroft, E. B., Baker, D. A., Boehm, E. C., Weiler, A. M., Haj, A. K., Hatta, M., Chiba, S., Maemura, T., Kawaoka, Y., Koelle, K., O'Connor, D. H., & Friedrich, T. C. (2021). Transmission of SARS-CoV-2 in domestic cats imposes a narrow bottleneck. *PLOS Pathogens*, *17*(2), e1009373. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009373>
- Briceño-Méndez, M., Contreras-Perera, Y., & Montiel, S. (2021). Subsistence Hunting During the COVID-19 Pandemic: The Case of the White-Tailed Deer (*Odocoileus virginianus*) in Rural Communities of Calakmul, Campeche, Mexico. *Tropical Conservation Science*, *14*, 194008292110667. <https://doi.org/10.1177/19400829211066713>
- Cavanagh, D., & Britton, P. (2008). Coronaviruses: General Features. Em *Encyclopedia of Virology* (p. 549–554). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-012374410-4.00370-8>
- Chaintoutis, S. C., Siarkou, V. I., Mylonakis, M. E., Kazakos, G. M., Skeva, P., Bampali, M., Dimitriou, M., Dovrolis, N., Polizopoulou, Z. S., Karakasiliotis, I., & Dovas, C. I. (2022). Limited cross-species transmission and absence of mutations associated with SARS-CoV-2 adaptation in cats: A case study of infection in a small household setting. *Transboundary and Emerging Diseases*, *69*(3), 1606–1616. <https://doi.org/10.1111/tbed.14132>
- Chandler, J. C., Bevins, S. N., Ellis, J. W., Linder, T. J., Tell, R. M., Jenkins-Moore, M., Root, J. J., Lench, J. B., Robbe-Austerman, S., DeLiberto, T. J., Gidlewski, T., Kim Torchetti, M., & Shriner, S. A. (2021). SARS-CoV-2 exposure in wild white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *118*(47), e2114828118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2114828118>

- Clayton, E., Ackerley, J., Aelmans, M., Ali, N., Ashcroft, Z., Ashton, C., Barker, R., Budryte, V., Burrows, C., Cai, S., Callaghan, A., Carberry, J., Chatwin, R., Davies, I., Farlow, C., Gamblin, S., Iacobut, A., Lambe, A., Lynch, F., Munir, M. (2022). Structural Bases of Zoonotic and Zooanthroponotic Transmission of SARS-CoV-2. *Viruses*, *14*(2), 418. <https://doi.org/10.3390/v14020418>
- Cordeiro, A. M., Oliveira, G. M., Renteria, J. M., & Guimarães C. A. (2007). GERS-Rio. Revisão sistemática: Uma revisão narrativa. *Rev Col Bras Cir*. *34*(6). ISSN 0100-6991. <https://doi.org/10.1590/S0100-69912007000600012>
- Cox-Witton, K., Baker, M. L., Edson, D., Peel, A. J., Welbergen, J. A., & Field, H. (2021). Risk of SARS-CoV-2 transmission from humans to bats – An Australian assessment. *One Health*, *13*, 100247. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100247>
- Cui, S., Liu, Y., Zhao, J., Peng, X., Lu, G., Shi, W., Pan, Y., Zhang, D., Yang, P., & Wang, Q. (2022). An Updated Review on SARS-CoV-2 Infection in Animals. *Viruses*, *14*(7), 1527. <https://doi.org/10.3390/v14071527>
- Curukoglu, A., Ergoren, M., Ozgencil, F., Sayiner, S., Ince, M., & Sanlidag, T. (2021). First direct human-to-cat transmission of the SARS-CoV -2 B.1.1.7 variant. *Australian Veterinary Journal*, *99*(11), 482–488. <https://doi.org/10.1111/avj.13109>
- Cushing, A. C., Sawatzki, K., Grome, H. N., Puryear, W. B., Kelly, N., & Runstadler, J. (2021). Duration of antigens shedding and development of antibody titers in Malayan tigers (*Panthera tigris jacksoni*) naturally infected with SARS-CoV-2. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, *52*(4). <https://doi.org/10.1638/2021-0042>
- Dakroub, H., Russo, D., Cistrone, L., Serra, F., Fusco, G., De Carlo, E., & Amoroso, M. G. (2022). A First Assessment of SARS-CoV-2 Circulation in Bats of Central–Southern Italy. *Pathogens*, *11*(7), 742. <https://doi.org/10.3390/pathogens11070742>
- Damas, J., Hughes, G. M., Keough, K. C., Painter, C. A., Persky, N. S., Corbo, M., Hiller, M., Koepfli, K.-P., Pfenning, A. R., Zhao, H., Genereux, D. P., Swofford, R., Pollard, K. S., Ryder, O. A., Nweeia, M. T., Lindblad-Toh, K., Teeling, E. C., Karlsson, E. K., & Lewin, H. A. (2020). Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *117*(36), 22311–22322. <https://doi.org/10.1073/pnas.2010146117>
- Demeny, K., McLoon, M., Winesett, B., Fastner, J., Hammerer, E., & Pauli, J. N. (2019). Food subsidies of raccoons (*Procyon lotor*) in anthropogenic landscapes. *Canadian Journal of Zoology*, *97*(7), 654–657. <https://doi.org/10.1139/cjz-2018-0286>
- Devaux, C. A., Pinault, L., Osman, I. O., & Raoult, D. (2021). Can ACE2 Receptor Polymorphism Predict Species Susceptibility to SARS-CoV-2? *Frontiers in Public Health*, *8*, 608765. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.608765>
- Díaz, A. V., Walker, M., & Webster, J. P. (2021). Surveillance and control of SARS-CoV-2 in mustelids: An evolutionary perspective. *Evolutionary Applications*, *14*(12), 2715–2725. <https://doi.org/10.1111/eva.13310>
- Dowall, S., Salguero, F. J., Wiblin, N., Fotheringham, S., Hatch, G., Parks, S., Gowan, K., Harris, D., Carnell, O., Fell, R., Watson, R., Graham, V., Gooch, K., Hall, Y., Mizen, S., & Hewson, R. (2021). Development of a Hamster Natural Transmission Model of SARS-CoV-2 Infection. *Viruses*, *13*(11), 2251. <https://doi.org/10.3390/v13112251>
- Dyer, O. (2020). COVID-19: Denmark to kill 17 million minks over mutation that could undermine vaccine effort. *BMJ*, m4338. <https://doi.org/10.1136/bmj.m4338>
- Eckstrand, C. D., Baldwin, T. J., Rood, K. A., Clayton, M. J., Lott, J. K., Wolking, R. M., Bradway, D. S., & Baszler, T. (2021). An outbreak of SARS-CoV-2 with high mortality in mink (*Neovison vison*) on multiple Utah farms. *PLOS Pathogens*, *17*(11), e1009952. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009952>
- European Centre for Disease Prevention and Control. MERS-CoV worldwide overview – 5 July 2020. Disponível em: <https://www.ecdc.europa.eu/en/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers-cov-situation-update>
- European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control, Boklund, A., Gortázar, C., Pasquali, P., Roberts, H., Nielsen, S. S., Stahl, K., Stegeman, A., Baldinelli, F., Broglia, A., Van Der Stede, Y., Adlhoç, C., Alm, E., Melidou, A., & Mirinaviçute, G. (2021). Monitoring of SARS-CoV-2 infection in mustelids. *EFSA Journal*, *19*(3). <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6459>
- Evans, D. J. (2008). Viral Receptors. Em *Encyclopedia of Virology* (p. 319–324). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-012374410-4.00531-8>
- Feng, Y., & Xiao, L. (2011). Zoonotic Potential and Molecular Epidemiology of *Giardia* Species and Giardiasis. *Clinical Microbiology Reviews*, *24*(1), 110–140. <https://doi.org/10.1128/CMR.00033-10>
- Fagre, A., Lewis, J., Eckley, M., Zhan, S., Rocha, S. M., Sexton, N. R., Burke, B., Geiss, B., Peersen, O., Bass, T., Kading, R., Rovnak, J., Ebel, G. D., Tjalkens, R. B., Aboellail, T., & Schountz, T. (2021). SARS-CoV-2 infection, neuropathogenesis and transmission among deer mice: Implications for spillback to New World rodents. *PLOS Pathogens*, *17*(5), e1009585. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009585>
- Fernández-Bellón, H., Rodon, J., Fernández-Bastit, L., Almagro, V., Padilla-Solé, P., Lorca-Oró, C., Valle, R., Roca, N., Grazioli, S., Trogu, T., Bensaid, A., Carrillo, J., Izquierdo-Useros, N., Blanco, J., Parera, M., Noguera-Julián, M., Clotet, B., Moreno, A., Segalés, J., & Vergara-Alert, J. (2021). Monitoring Natural SARS-CoV-2 Infection in Lions (*Panthera leo*) at the Barcelona Zoo: Viral Dynamics and Host Responses. *Viruses*, *13*(9), 1683. <https://doi.org/10.3390/v13091683>
- Forni, D., Cagliani, R., Clerici, M., & Sironi, M. (2017). Molecular Evolution of Human Coronavirus Genomes. *Trends in Microbiology*, *25*(1), 35–48. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.09.001>
- Franklin, A. B., & Bevens, S. N. (2020). Spillover of SARS-CoV-2 into novel wild hosts in North America: A conceptual model for perpetuation of the pathogen. *Science of The Total Environment*, *733*, 139358. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139358>
- Freuling, C. M., Breithaupt, A., Müller, T., Sehl, J., Balkema-Buschmann, A., Rissmann, M., Klein, A., Wylezich, C., Höper, D., Wernike, K., Aebischer, A., Hoffmann, D., Friedrichs, V., Dorhoi, A., Groschup, M. H., Beer, M., & Mettenleiter, T. C. (2020). Susceptibility of Raccoon Dogs for Experimental SARS-CoV-2 Infection. *Emerging Infectious Diseases*, *26*(12), 2982–2985. <https://doi.org/10.3201/eid2612.203733>



- Frutos, R., & Devaux, C. A. (2020). Mass culling of minks to protect the COVID-19 vaccines: Is it rational? *New Microbes and New Infections*, 38, 100816. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2020.100816>
- Gao, S., Luan, J., Cui, H., & Zhang, L. (2021). ACE2 isoform diversity predicts the host susceptibility of SARS-CoV-2. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(3), 1026–1032. <https://doi.org/10.1111/tbed.13773>
- Gaudreault, N. N., Trujillo, J. D., Carossino, M., Meekins, D. A., Morozov, I., Madden, D. W., Indran, S. V., Bold, D., Balaraman, V., Kwon, T., Artiaga, B. L., Cool, K., García-Sastre, A., Ma, W., Wilson, W. C., Henningson, J., Balasuriya, U. B. R., & Richt, J. A. (2020). SARS-CoV-2 infection, disease and transmission in domestic cats. *Emerging Microbes & Infections*, 9(1), 2322–2332. <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1833687>
- Gibbons, A. (2021). Captive gorillas test positive for coronavirus. *Science*. <https://doi.org/10.1126/science.abg5458>
- Giner, J., Villanueva-Saz, S., Tobajas, A. P., Pérez, M. D., González, A., Verde, M., Yzuel, A., García-García, A., Taleb, V., Lira-Navarrete, E., Hurtado-Guerrero, R., Pardo, J., Santiago, L., Paño, J. R., Ruíz, H., Lacasta, D., & Fernández, A. (2021). SARS-CoV-2 Seroprevalence in Household Domestic Ferrets (*Mustela putorius furo*). *Animals*, 11(3), 667. <https://doi.org/10.3390/ani11030667>
- Giraldo-Ramirez, S., Rendon-Marin, S., Jaimes, J. A., Martinez-Gutierrez, M., & Ruiz-Saenz, J. (2021). SARS-CoV-2 Clinical Outcome in Domestic and Wild Cats: A Systematic Review. *Animals*, 11(7), 2056. <https://doi.org/10.3390/ani11072056>
- Goldstein, S. A., Brown, J., Pedersen, B. S., Quinlan, A. R., & Elde, N. C. (2021). *Extensive recombination-driven coronavirus diversification expands the pool of potential pandemic pathogens* [Preprint]. *Evolutionary Biology*. <https://doi.org/10.1101/2021.02.03.429646>
- Gortázar, C., Barroso-Arévalo, S., Ferreras-Colino, E., Isla, J., de la Fuente, G., Rivera, B., Domínguez, L., de la Fuente, J., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2021). Natural SARS-CoV-2 Infection in Kept Ferrets, Spain. *Emerging Infectious Diseases*, 27(7), 1994–1996. <https://doi.org/10.3201/eid2707.210096>
- Grome, H. N., Meyer, B., Read, E., Buchanan, M., Cushing, A., Sawatzki, K., Levinson, K. J., Thomas, L. S., Perry, Z., Uehara, A., Tao, Y., Queen, K., Tong, S., Ghai, R., Fill, M.-M., Jones, T. F., Schaffner, W., & Dunn, J. (2022). SARS-CoV-2 Outbreak among Malayan Tigers and Humans, Tennessee, USA, 2020. *Emerging Infectious Diseases*, 28(4), 833–836. <https://doi.org/10.3201/eid2804.212219>
- Hale, V. L., Dennis, P. M., McBride, D. S., Nolting, J. M., Madden, C., Huey, D., Ehrlich, M., Grieser, J., Winston, J., Lombardi, D., Gibson, S., Saif, L., Killian, M. L., Lantz, K., Tell, R. M., Torchetti, M., Robbe-Austerman, S., Nelson, M. I., Faith, S. A., & Bowman, A. S. (2022). SARS-CoV-2 infection in free-ranging white-tailed deer. *Nature*, 602(7897), 481–486. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04353-x>
- Halfmann, P. J., Hatta, M., Chiba, S., Maemura, T., Fan, S., Takeda, M., Kinoshita, N., Hattori, S., Sakai-Tagawa, Y., Iwatsuki-Horimoto, K., Imai, M., & Kawaoka, Y. (2020). Transmission of SARS-CoV-2 in Domestic Cats. *New England Journal of Medicine*, 383(6), 592–594. <https://doi.org/10.1056/NEJMc2013400>
- Hamer, S. A., Ghai, R. R., Zecca, I. B., Auckland, L. D., Roundy, C. M., Davila, E., Busselman, R. E., Tang, W., Pauvolid-Corrêa, A., Killian, M. L., Jenkins-Moore, M., Torchetti, M. K., Robbe Austerman, S., Lim, A., Akpalu, Y., Fischer, R. S. B., Barton Behravesh, C., & Hamer, G. L. (2022). SARS-CoV-2 B.1.1.7 variant of concern detected in a pet dog and cat after exposure to a person with COVID-19, USA. *Transboundary and Emerging Diseases*, 69(3), 1656–1658. <https://doi.org/10.1111/tbed.14122>
- Hammer, A. S., Quaade, M. L., Rasmussen, T. B., Fonager, J., Rasmussen, M., Mundbjerg, K., Lohse, L., Strandbygaard, B., Jørgensen, C. S., Alfaro-Núñez, A., Rosenstjerne, M. W., Boklund, A., Halasa, T., Fomsgaard, A., Belsham, G. J., & Bøtner, A. (2021). SARS-CoV-2 Transmission between Mink (*Neovison vison*) and Humans, Denmark. *Emerging Infectious Diseases*, 27(2), 547–551. <https://doi.org/10.3201/eid2702.203794>
- Harrington, L. A., Díez-León, M., Gómez, A., Harrington, A., Macdonald, D. W., Maran, T., Pödra, M., & Roy, S. (2021). Wild American mink (*Neovison vison*) may pose a COVID-19 threat. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 19(5), 266–267. <https://doi.org/10.1002/fee.2344>
- Harvey, W. T., Carabelli, A. M., Jackson, B., Gupta, R. K., Thomson, E. C., Harrison, E. M., Ludden, C., Reeve, R., Rambaut, A., COVID-19 Genomics UK (COG-UK) Consortium, Peacock, S. J., & Robertson, D. L. (2021). SARS-CoV-2 variants, spike mutations and immune escape. *Nature Reviews Microbiology*, 19(7), 409–424. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00573-0>
- Hosie, M. J., Epifano, I., Herder, V., Orton, R. J., Stevenson, A., Johnson, N., MacDonald, E., Dunbar, D., McDonald, M., Howie, F., Tennant, B., Herrity, D., Da Silva Filipe, A., Streicker, D. G., the COVID-19 Genomics UK (COG-UK) consortium, Willett, B. J., Murcia, P. R., Jarrett, R. F., Robertson, D. L., & Weir, W. (2021). Detection of SARS-CoV-2 in respiratory samples from cats in the UK associated with human-to-cat transmission. *Veterinary Record*, 188(8). <https://doi.org/10.1002/vetr.247>
- Islam, A., Ferdous, J., Sayeed, Md. A., Islam, S., Kaiser Rahman, Md., Abedin, J., Saha, O., Hassan, M. M., & Shirin, T. (2021). Spatial epidemiology and genetic diversity of SARS-CoV-2 and related coronaviruses in domestic and wild animals. *PLOS ONE*, 16(12), e0260635. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0260635>
- Jairak, W., Chamsai, E., Udom, K., Charoenkul, K., Chaiyawong, S., Techakriengkrai, N., Tangwangvivat, R., Suwannakam, K., & Amonsin, A. (2022). SARS-CoV-2 delta variant infection in domestic dogs and cats, Thailand. *Scientific Reports*, 12(1), 8403. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-12468-y>
- Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L., & Daszak, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451(7181), 990–993. <https://doi.org/10.1038/nature06536>
- Karikalan, M., Chander, V., Mahajan, S., Deol, P., Agrawal, R. K., Nandi, S., Rai, S. K., Mathur, A., Pawde, A., Singh, K. P., & Sharma, G. K. (2021). Natural infection of Delta mutant of SARS-CoV-2 in Asiatic lions of India. *Transboundary and Emerging Diseases*, tbed.14290. <https://doi.org/10.1111/tbed.14290>
- Keller, M., Hagag, I. T., Balzer, J., Beyer, K., Kersebohm, J. C., Sadeghi, B., Wernike, K., Höper, D., Wylezich, C., Beer, M., & Groschup, M. H. (2021). Detection of SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 in a cat in Germany. *Research in Veterinary Science*, 140, 229–232. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2021.09.008>
- Kim, Y.-I., Kim, S.-G., Kim, S.-M., Kim, E.-H., Park, S.-J., Yu, K.-M., Chang, J.-H., Kim, E. J., Lee, S., Casel, M. A. B., Um, J., Song, M.-S., Jeong, H. W., Lai, V. D., Kim, Y., Chin, B. S., Park, J.-S., Chung, K.-H., Foo, S.-S., ... Choi, Y. K. (2020). Infection and Rapid Transmission of SARS-CoV-2 in Ferrets. *Cell Host & Microbe*, 27(5), 704–709.e2. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.03.023>

- Klaus, J., Palizzotto, C., Zini, E., Meli, M. L., Leo, C., Egberink, H., Zhao, S., & Hofmann-Lehmann, R. (2021). SARS-CoV-2 Infection and Antibody Response in a Symptomatic Cat from Italy with Intestinal B-Cell Lymphoma. *Viruses*, *13*(3), 527. <https://doi.org/10.3390/v13030527>
- Kok, K.-H., Wong, S.-C., Chan, W.-M., Wen, L., Chu, A. W.-H., Ip, J. D., Lee, L.-K., Wong, I. T.-F., Lo, H. W.-H., Cheng, V. C.-C., Ho, A. Y.-M., Lam, B. H.-S., Tse, H., Lung, D., Ng, K. N. H.-L., Au, A. K.-W., Siu, G. K.-H., & Yuen, K.-Y. (2022). Co-circulation of two SARS-CoV-2 variant strains within imported pet hamsters in Hong Kong. *Emerging Microbes & Infections*, *11*(1), 689–698. <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2040922>
- Koley, T., Madaan, S., Chowdhury, S. R., Kumar, M., Kaur, P., Singh, T. P., & Ethayathulla, A. S. (2021). Structural analysis of COVID-19 spike protein in recognizing the ACE2 receptor of different mammalian species and its susceptibility to viral infection. *3 Biotech*, *11*(2), 109. <https://doi.org/10.1007/s13205-020-02599-2>
- Konishi, T. (2022). Mutations in SARS-CoV-2 are on the increase against the acquired immunity. *PLOS ONE*, *17*(7), e0271305. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271305>
- Kuchipudi, S. V., Nelli, R. K., Gontu, A., Satyakumar, R., Surendran Nair, M., & Subbiah, M. (2021). Sialic Acid Receptors: The Key to Solving the Enigma of Zoonotic Virus Spillover. *Viruses*, *13*(2), 262. <https://doi.org/10.3390/v13020262>
- Kuchipudi, S. V., Surendran-Nair, M., Ruden, R. M., Yon, M., Nissly, R. H., Vandegrift, K. J., Nelli, R. K., Li, L., Jayarao, B. M., Maranas, C. D., Levine, N., Willgert, K., Conlan, A. J. K., Olsen, R. J., Davis, J. J., Musser, J. M., Hudson, P. J., & Kapur, V. (2022). Multiple spillovers from humans and onward transmission of SARS-CoV-2 in white-tailed deer. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *119*(6), e2121644119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2121644119>
- Kumar, A., Pandey, S. N., Pareek, V., Narayan, R. K., Faiq, M. A., & Kumari, C. (2021). Predicting susceptibility for SARS-CoV-2 infection in domestic and wildlife animals using ACE2 protein sequence homology. *Zoo Biology*, *40*(1), 79–85. <https://doi.org/10.1002/zoo.21576>
- Kutter, J. S., de Meulder, D., Bestebroer, T. M., Lexmond, P., Mulders, A., Richard, M., Fouchier, R. A. M., & Herfst, S. (2021). SARS-CoV and SARS-CoV-2 are transmitted through the air between ferrets over more than one meter distance. *Nature Communications*, *12*(1), 1653. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-21918-6>
- Lam, S. D., Bordin, N., Waman, V. P., Scholes, H. M., Ashford, P., Sen, N., van Dorp, L., Rauer, C., Dawson, N. L., Pang, C. S. M., Abbasian, M., Sillitoe, I., Edwards, S. J. L., Fraternali, F., Lees, J. G., Santini, J. M., & Orenco, C. A. (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. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-71936-5>
- Larsen, C. S., & Paludan, S. R. (2020). Corona's new coat: SARS-CoV-2 in Danish minks and implications for travel medicine. *Travel Medicine and Infectious Disease*, *38*, 101922. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2020.101922>
- Lee, N., Hui, D., Wu, A., Chan, P., Cameron, P., Joynt, G. M., Ahuja, A., Yung, M. Y., Leung, C. B., To, K. F., Lui, S. F., Szeto, C. C., Chung, S., & Sung, J. J. Y. (2003). A Major Outbreak of Severe Acute Respiratory Syndrome in Hong Kong. *New England Journal of Medicine*, *348*(20), 1986–1994. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa030685>
- Lee, Y. J., Kim, J. H., Choi, B.-S., Choi, J.-H., & Jeong, Y.-I. (2020). Characterization of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Stability in Multiple Water Matrices. *Journal of Korean Medical Science*, *35*(36), e330. <https://doi.org/10.3346/jkms.2020.35.e330>
- Li, S., Yang, R., Zhang, D., Han, P., Xu, Z., Chen, Q., Zhao, R., Zhao, X., Qu, X., Zheng, A., Wang, L., Li, L., Hu, Y., Zhang, R., Su, C., Niu, S., Zhang, Y., Qi, J., Liu, K., ... Gao, G. F. (2022). Cross-species recognition and molecular basis of SARS-CoV-2 and SARS-CoV binding to ACE2s of marine animals. *National Science Review*, nwac122. <https://doi.org/10.1093/nsr/nwac122>
- Li, Y., & Li, Q. (2022). The Immunology of Zoonotic Infection. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, *7*(7), 127. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7070127>
- Liu, Y., Hu, G., Wang, Y., Ren, W., Zhao, X., Ji, F., Zhu, Y., Feng, F., Gong, M., Ju, X., Zhu, Y., Cai, X., Lan, J., Guo, J., Xie, M., Dong, L., Zhu, Z., Na, J., Wu, J., ... Ding, Q. (2021). Functional and genetic analysis of viral receptor ACE2 orthologs reveals a broad potential host range of SARS-CoV-2. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *118*(12), e2025373118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2025373118>
- Lu, L., Sikkema, R. S., Velkers, F. C., Nieuwenhuijse, D. F., Fischer, E. A. J., Meijer, P. A., Bouwmeester-Vincken, N., Rietveld, A., Wegdam-Blans, M. C. A., Tolsma, P., Koppelman, M., Smit, L. A. M., Hakze-van der Honing, R. W., van der Poel, W. H. M., van der Spek, A. N., Spierenburg, M. A. H., Molenaar, R. J., Rond, J. de, Augustijn, M., ... Koopmans, M. P. G. (2021). Adaptation, spread and transmission of SARS-CoV-2 in farmed minks and associated humans in the Netherlands. *Nature Communications*, *12*(1), 6802. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-27096-9>
- Lu, S., Zhao, Y., Yu, W., Yang, Y., Gao, J., Wang, J., Kuang, D., Yang, M., Yang, J., Ma, C., Xu, J., Qian, X., Li, H., Zhao, S., Li, J., Wang, H., Long, H., Zhou, J., Luo, F., ... Peng, X. (2020). Comparison of nonhuman primates identified the suitable model for COVID-19. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, *5*(1), 157. <https://doi.org/10.1038/s41392-020-00269-6>
- Ma, C., & Gong, C. (2021). ACE2 models of frequently contacted animals provide clues of their SARS-CoV-2 S protein affinity and viral susceptibility. *Journal of Medical Virology*, *93*(7), 4469–4479. <https://doi.org/10.1002/jmv.26953>
- Mahajan, S., Karikalan, M., Chander, V., Pawde, A. M., Saikumar, G., Semmaran, M., Lakshmi, P. S., Sharma, M., Nandi, S., Singh, K. P., Gupta, V. K., Singh, R. K., & Sharma, G. K. (2022). Systemic infection of SARS-CoV-2 in free ranging Leopard ( Panthera pardus fusca ) in India [Preprint]. Microbiology. <https://doi.org/10.1101/2022.01.11.475327>
- Manes, C., Gollakner, R., & Capua, I. (2020). Could Mustelids spur COVID-19 into a panzootic? *Veterinaria Italiana*, *56*(2), 65–66. <https://doi.org/10.12834/VetIt.2375.13627.1>
- Mangiavacchi, B. M., Martins, L. M., Borges, T. R. B. (2020). As múltiplas vertentes da resposta imune na COVID-19. In Norberg, A. N., Souza, C. H.M., Manhães, F. C., Sant'Anna, N. F. (Orgs). *COVID-19: Saúde e Interdisciplinaridade*. Campos dos Goytacazes, RJ: Encontrografia.

- Mann, R., Perisetti, A., Gajendran, M., Gandhi, Z., Umopathy, C., & Goyal, H. (2020). Clinical Characteristics, Diagnosis, and Treatment of Major Coronavirus Outbreaks. *Frontiers in Medicine*, 7, 581521. <https://doi.org/10.3389/fmed.2020.581521>
- Marques, A. D., Sherrill-Mix, S., Everett, J. K., Adhikari, H., Reddy, S., Ellis, J. C., Zeliff, H., Greening, S. S., Cannuscio, C. C., Strelau, K. M., Collman, R. G., Kelly, B. J., Rodino, K. G., Bushman, F. D., Gagne, R. B., & Anis, E. (2022). *Multiple Introductions of SARS-CoV-2 Alpha and Delta Variants into White-Tailed Deer in Pennsylvania* [Preprint]. *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*. <https://doi.org/10.1101/2022.02.17.22270679>
- Martin, J., Klapsa, D., Wilton, T., Zambon, M., Bentley, E., Bujaki, E., Fritzsche, M., Mate, R., & Majumdar, M. (2020). Tracking SARS-CoV-2 in Sewage: Evidence of Changes in Virus Variant Predominance during COVID-19 Pandemic. *Viruses*, 12(10), 1144. <https://doi.org/10.3390/v12101144>
- Martins, M., Boggiatto, P. M., Buckley, A., Cassmann, E. D., Falkenberg, S., Caserta, L. C., Fernandes, M. H. V., Kanipe, C., Lager, K., Palmer, M. V., & Diel, D. G. (2022). From Deer-to-Deer: SARS-CoV-2 is efficiently transmitted and presents broad tissue tropism and replication sites in white-tailed deer. *PLOS Pathogens*, 18(3), e1010197. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010197>
- Mathavarajah, S., Stoddart, A. K., Gagnon, G. A., & Dellaire, G. (2020). *Pandemic danger to the deep: The risk of marine mammals contracting SARS-CoV-2 from wastewater* [Preprint]. *Ecology*. <https://doi.org/10.1101/2020.08.13.249904>
- McAloose, D., Laverack, M., Wang, L., Killian, M. L., Caserta, L. C., Yuan, F., Mitchell, P. K., Queen, K., Mauldin, M. R., Cronk, B. D., Bartlett, S. L., Sykes, J. M., Zec, S., Stokol, T., Ingerman, K., Delaney, M. A., Fredrickson, R., Ivančić, M., Jenkins-Moore, M., ... Diel, D. G. (2020). From People to *Panthera*: Natural SARS-CoV-2 Infection in Tigers and Lions at the Bronx Zoo. *MBio*, 11(5), e02220-20. <https://doi.org/10.1128/mBio.02220-20>
- Medkour, H., Catheland, S., Boucraut-Baralon, C., Laidoudi, Y., Sereme, Y., Pingret, J., Million, M., Houhamdi, L., Levasseur, A., Cabassu, J., & Davoust, B. (2022). First evidence of human-to-dog transmission of SARS-CoV-2 B.1.160 variant in France. *Transboundary and Emerging Diseases*, 69(4). <https://doi.org/10.1111/tbed.14359>
- Melin, A. D., Janiak, M. C., Marrone, F., Arora, P. S., & Higham, J. P. (2020). Comparative ACE2 variation and primate COVID-19 risk. *Communications Biology*, 3(1), 641. <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01370-w>
- Merad, M., Blish, C. A., Sallusto, F., & Iwasaki, A. (2022). The immunology and immunopathology of COVID-19. *Science*, 375(6585), 1122–1127. <https://doi.org/10.1126/science.abm8108>
- Mishra, A., Kumar, N., Bhatia, S., Aasdev, A., Kanniappan, S., Sekhar, A. T., Gopinadhan, A., Silambarasan, R., Sreekumar, C., Dubey, C. K., Tripathi, M., Raut, A. A., & Singh, V. P. (2021). SARS-CoV-2 Delta Variant among Asiatic Lions, India. *Emerging Infectious Diseases*, 27(10), 2723–2725. <https://doi.org/10.3201/eid2710.211500>
- Mohebbali, M., Hassanpour, G., Zainali, M., Gouya, M. M., Khayatzadeh, S., Parsaei, M., Sarafraz, N., Hassanzadeh, M., Azarm, A., Salehi-Vaziri, M., Sasani, F., Heidari, Z., Jalali, T., Pouriayevali, M. H., Shoja, Z., Ahmadi, Z., Sadjadi, M., Tavakoli, M., Azad-Manjiri, S., ... Zarei, Z. (2022). SARS-CoV-2 in domestic cats (*Felis catus*) in the northwest of Iran: Evidence for SARS-CoV-2 circulating between human and cats. *Virus Research*, 310, 198673. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198673>
- Molenaar, R. J., Vreman, S., Hakze-van der Honing, R. W., Zwart, R., de Rond, J., Weesendorp, E., Smit, L. A. M., Koopmans, M., Bouwstra, R., Stegeman, A., & van der Poel, W. H. M. (2020). Clinical and Pathological Findings in SARS-CoV-2 Disease Outbreaks in Farmed Mink (*Neovison vison*). *Veterinary Pathology*, 57(5), 653–657. <https://doi.org/10.1177/0300985820943535>
- Moreno, E. S., Agostini, I., Holzmann, I., Di Bitetti, M. S., Oklander, L. I., Kowalewski, M. M., Beldomenico, P. M., Goenaga, S., Martínez, M., Lestani, E., Desbiez, A. L., & Miller, P. (2015). Yellow fever impact on brown howler monkeys (*Alouatta guariba clamitans*) in Argentina: A metamodelling approach based on population viability analysis and epidemiological dynamics. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 110(7), 865–876. <https://doi.org/10.1590/0074-02760150075>
- Munnink, B. B. O., Sikkema, R. S., Nieuwenhuijse, D. F., Molenaar, R. J., Munger, E., Molenkamp, R., van der Spek, A., Tolsma, P., Rietveld, A., Brouwer, M., Bouwmeester-Vincken, N., Harders, F., Hakze-van der Honing, R., Wegdam-Blans, M. C. A., Bouwstra, R. J., GeurtsvanKessel, C., van der Eijk, A. A., Velkers, F. C., Smit, L. A. M., ... Koopmans, M. P. G. (2021). Transmission of SARS-CoV-2 on mink farms between humans and mink and back to humans. *Science*, 371(6525), 172–177. <https://doi.org/10.1126/science.abe5901>
- Munster, V. J., Feldmann, F., Williamson, B. N., van Doremalen, N., Pérez-Pérez, L., Schulz, J., Meade-White, K., Okumura, A., Callison, J., Brumbaugh, B., Avanzato, V. A., Rosenke, R., Hanley, P. W., Saturday, G., Scott, D., Fischer, E. R., & de Wit, E. (2020). Respiratory disease in rhesus macaques inoculated with SARS-CoV-2. *Nature*, 585(7824), 268–272. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2324-7>
- Musso, N., Costantino, A., La Spina, S., Finocchiaro, A., Andronico, F., Stracquadanio, S., Liotta, L., Visalli, R., & Emmanuele, G. (2020). New SARS-CoV-2 Infection Detected in an Italian Pet Cat by RT-qPCR from Deep Pharyngeal Swab. *Pathogens*, 9(9), 746. <https://doi.org/10.3390/pathogens9090746>
- Myktyyn, A. Z., Lamers, M. M., Okba, N. M. A., Breugem, T. I., Schipper, D., van den Doel, P. B., van Run, P., van Amerongen, G., de Waal, L., Koopmans, M. P. G., Stittelaar, K. J., van den Brand, J. M. A., & Haagmans, B. L. (2021). Susceptibility of rabbits to SARS-CoV-2. *Emerging Microbes & Infections*, 10(1), 1–7. <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1868951>
- Naderi, S., Chen, P., Lía Murall, C., Poujol, R., Kraemer, S., Pickering, B. S., Sagan, S. M., & Shapiro, B. J. (2022). *Zoonothonotic transmission of SARS-CoV-2 and host-specific viral mutations revealed by genome-wide phylogenetic analysis* [Preprint]. *Genomics*. <https://doi.org/10.1101/2022.06.02.494559>
- Nagy, A., Stará, M., Vodička, R., Černíková, L., Jiřincová, H., Křivda, V., & Sedlák, K. (2022). Reverse-zoonotic transmission of SARS-CoV-2 lineage alpha (B.1.1.7) to great apes and exotic felids in a zoo in the Czech Republic. *Archives of Virology*, 167(8), 1681–1685. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05469-9>
- Natale, A., Mazzotta, E., Mason, N., Ceglie, L., Mion, M., Stefani, A., Fincato, A., Bonfante, F., Bortolami, A., Monne, I., Bellinati, L., Guadagno, C., Quaranta, E., Pastori, A., & Terregino, C. (2021). SARS-CoV-2 Natural Infection in a Symptomatic Cat: Diagnostic, Clinical and Medical Management in a One Health Vision. *Animals*, 11(6), 1640. <https://doi.org/10.3390/ani11061640>
- Negrey, J. D., Reddy, R. B., Scully, E. J., Phillips-Garcia, S., Owens, L. A., Langergraber, K. E., Mitani, J. C., Emery Thompson, M., Wrangham, R. W., Muller, M. N., Otali, E., Machanda, Z., Hyeroba, D., Grindle, K. A., Pappas, T. E., Palmenberg, A. C., Gern, J. E., & Goldberg, T. L. (2019). Simultaneous outbreaks

of respiratory disease in wild chimpanzees caused by distinct viruses of human origin. *Emerging Microbes & Infections*, 8(1), 139–149. <https://doi.org/10.1080/22221751.2018.1563456>

Norberg, A. N., Norberg, P. R. B. M., Ribeiro, P. C., Queiroz, M. M. C., Castro, J. B. P., Sant'Anna, N. F., Mangiavacchi, B. M. (2020). *Cryptosporidium* spp. oocysts and *Giardia* spp. cysts in faeces of capybaras (*Hydrochoerus hydrochaeris*) from Chico Mendes Natural Municipal Park, city of Rio de Janeiro, Brazil: potential risks for zoonotic transmission. *World Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences*, 9(11), 15–27. <https://doi.org/10.20959/wjpps202011-17578>

Olival, K. J., Cryan, P. M., Amman, B. R., Baric, R. S., Blehert, D. S., Brook, C. E., Calisher, C. H., Castle, K. T., Coleman, J. T. H., Daszak, P., Epstein, J. H., Field, H., Frick, W. F., Gilbert, A. T., Hayman, D. T. S., Ip, H. S., Karesh, W. B., Johnson, C. K., Kading, R. C., Wang, L.-F. (2020). Possibility for reverse zoonotic transmission of SARS-CoV-2 to free-ranging wildlife: A case study of bats. *PLOS Pathogens*, 16(9), e1008758. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1008758>

Oliveira, M. C. de, Rodrigues Gonçalves, N., Ferreira, P. do C., Dos Santos Honório, A., & De Moraes, N. A. (2022). SARS-CoV-2 em cães e gatos – Revisão de literatura. *Veterinária e Zootecnia*, 29, 1–12. <https://doi.org/10.35172/rvz.2022.v29.676>

One Health High-Level Expert Panel (OHHLEP), Adisasmito, W. B., Almuhaire, S., Behraves, C. B., Bilivogui, P., Bukachi, S. A., Casas, N., Cediel Becerra, N., Charron, D. F., Chaudhary, A., Ciacci Zanella, J. R., Cunningham, A. A., Dar, O., Debnath, N., Dungu, B., Farag, E., Gao, G. F., Hayman, D. T. S., Khaitsa, M., ... Zhou, L. (2022). One Health: A new definition for a sustainable and healthy future. *PLOS Pathogens*, 18(6), e1010537. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010537>

Oreshkova, N., Molenaar, R. J., Vreman, S., Harders, F., Oude Munnink, B. B., Hakze-van der Honing, R. W., Gerhards, N., Tolsma, P., Bouwstra, R., Sikkema, R. S., Tacken, M. G., de Rooij, M. M., Weesendorp, E., Engelsma, M. Y., Brusckhe, C. J., Smit, L. A., Koopmans, M., van der Poel, W. H., & Stegeman, A. (2020). SARS-CoV-2 infection in farmed minks, the Netherlands, April and May 2020. *Eurosurveillance*, 25(23). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.23.2001005>

Ou, J., Lan, W., Wu, X., Zhao, T., Duan, B., Yang, P., Ren, Y., Quan, L., Zhao, W., Seto, D., Chodosh, J., Luo, Z., Wu, J., & Zhang, Q. (2022). Tracking SARS-CoV-2 Omicron diverse spike gene mutations identifies multiple inter-variant recombination events. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 7(1), 138. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-00992-2>

Padilla-Blanco, M., Aguiló-Gisbert, J., Rubio, V., Lizana, V., Chillida-Martínez, E., Cardells, J., Maiques, E., & Rubio-Guerri, C. (2022). The Finding of the Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus (SARS-CoV-2) in a Wild Eurasian River Otter (*Lutra lutra*) Highlights the Need for Viral Surveillance in Wild Mustelids. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, 826991. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.826991>

Pagani, G., Lai, A., Bergna, A., Rizzo, A., Stranieri, A., Giordano, A., Paltrinieri, S., Lelli, D., Decaro, N., Rusconi, S., Gismondo, M. R., Antinori, S., Lauzi, S., Galli, M., & Zehender, G. (2021). Human-to-Cat SARS-CoV-2 Transmission: Case Report and Full-Genome Sequencing from an Infected Pet and Its Owner in Northern Italy. *Pathogens*, 10(2), 252. <https://doi.org/10.3390/pathogens10020252>

Palermo, P. M., Orbegozo, J., Watts, D. M., & Morrill, J. C. (2021). SARS-CoV-2 Neutralizing Antibodies in White-Tailed Deer from Texas. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, vbz.2021.0094. <https://doi.org/10.1089/vbz.2021.0094>

Palmer, M. V., Martins, M., Falkenberg, S., Buckley, A., Caserta, L. C., Mitchell, P. K., Cassmann, E. D., Rollins, A., Zyllich, N. C., Renshaw, R. W., Guarino, C., Wagner, B., Lager, K., & Diel, D. G. (2021). Susceptibility of White-Tailed Deer (*Odocoileus virginianus*) to SARS-CoV-2. *Journal of Virology*, 95(11), e00083-21. <https://doi.org/10.1128/JVI.00083-21>

Patania, O. M., Chiba, S., Halfmann, P. J., Hatta, M., Maemura, T., Bernard, K. A., Kawaoka, Y., & Crawford, L. K. (2022). Pulmonary lesions induced by SARS-CoV-2 infection in domestic cats. *Veterinary Pathology*, 59(4), 696–706. <https://doi.org/10.1177/03009858211066840>

Patterson, E. I., Elia, G., Grassi, A., Giordano, A., Desario, C., Medardo, M., Smith, S. L., Anderson, E. R., Prince, T., Patterson, G. T., Lorusso, E., Lucente, M. S., Lanave, G., Lauzi, S., Bonfanti, U., Stranieri, A., Martella, V., Solari Basano, F., Barrs, V. R., ... Decaro, N. (2020). Evidence of exposure to SARS-CoV-2 in cats and dogs from households in Italy. *Nature Communications*, 11(1), 6231. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-20097-0>

Peiris, J. S. M., Yuen, K. Y., Osterhaus, A. D. M. E., & Stöhr, K. (2003). The Severe Acute Respiratory Syndrome. *New England Journal of Medicine*, 349(25), 2431–2441. <https://doi.org/10.1056/NEJMra032498>

Peiris, M., & Perlman, S. (2022). Unresolved questions in the zoonotic transmission of MERS. *Current Opinion in Virology*, 52, 258–264. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2021.12.013>

Pickering, B., Lung, O., Maguire, F., Kruczkiewicz, P., Kotwa, J. D., Buchanan, T., Gagnier, M., Guthrie, J. L., Jardine, C. M., Marchand-Austin, A., Massé, A., McClinchey, H., Nirmalarajah, K., Aftanas, P., Blais-Savoie, J., Chee, H.-Y., Chien, E., Yim, W., Banete, A., ... Bowman, J. (2022). *Highly divergent white-tailed deer SARS-CoV-2 with potential deer-to-human transmission* [Preprint]. Microbiology. <https://doi.org/10.1101/2022.02.22.481551>

Piplani, S., Singh, P. K., Winkler, D. A., & Petrovsky, N. (2021). In silico comparison of SARS-CoV-2 spike protein-ACE2 binding affinities across species and implications for virus origin. *Scientific Reports*, 11(1), 13063. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92388-5>

Possamai, C. B., Rodrigues de Melo, F., Mendes, S. L., & Strier, K. B. (2022). Demographic changes in an Atlantic Forest primate community following a yellow fever outbreak. *American Journal of Primatology*. <https://doi.org/10.1002/ajp.23425>

Preziuso, S. (2020). Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Exhibits High Predicted Binding Affinity to ACE2 from Lagomorphs (Rabbits and Pikas). *Animals*, 10(9), 1460. <https://doi.org/10.3390/ani10091460>

Rabalski, L., Kosinski, M., Smura, T., Aaltonen, K., Kant, R., Sironen, T., Szewczyk, B., & Grzybek, M. (2020). *Detection and molecular characterisation of SARS-CoV-2 in farmed mink ( Neovision vision ) in Poland* [Preprint]. Microbiology. <https://doi.org/10.1101/2020.12.24.422670>

Račnik, J., Kočevar, A., Slavec, B., Korva, M., Rus, K. R., Zakotnik, S., Zorec, T. M., Poljak, M., Matko, M., Rojs, O. Z., & Županc, T. A. (2021). Transmission of SARS-CoV-2 from Human to Domestic Ferret. *Emerging Infectious Diseases*, 27(9), 2450–2453. <https://doi.org/10.3201/eid2709.210774>

- Richard, M., Kok, A., de Meulder, D., Bestebroer, T. M., Lamers, M. M., Okba, N. M. A., Fentener van Vlissingen, M., Rockx, B., Haagmans, B. L., Koopmans, M. P. G., Fouchier, R. A. M., & Herfst, S. (2020). SARS-CoV-2 is transmitted via contact and via the air between ferrets. *Nature Communications*, *11*(1), 3496. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17367-2>
- Rivero, R., Garay, E., Botero, Y., Serrano-Coll, H., Gastelbondo, B., Muñoz, M., Ballesteros, N., Castañeda, S., Patiño, L. H., Ramirez, J. D., Calderon, A., Guzmán, C., Martínez-Bravo, C., Aleman, A., Arrieta, G., & Mattar, S. (2022). Human-to-dog transmission of SARS-CoV-2, Colombia. *Scientific Reports*, *12*(1), 7880. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11847-9>
- Roberts, A., Vogel, L., Guarnier, J., Hayes, N., Murphy, B., Zaki, S., & Subbarao, K. (2005). Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Infection of Golden Syrian Hamsters. *Journal of Virology*, *79*(1), 503–511. <https://doi.org/10.1128/JVI.79.1.503-511.2005>
- Rockx, B., Kuiken, T., Herfst, S., Bestebroer, T., Lamers, M. M., Oude Munnink, B. B., de Meulder, D., van Amerongen, G., van den Brand, J., Okba, N. M. A., Schipper, D., van Run, P., Leijten, L., Sikkema, R., Verschoor, E., Verstrepen, B., Bogers, W., Langermans, J., Drosten, C., ... Haagmans, B. L. (2020). Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model. *Science*, *368*(6494), 1012–1015. <https://doi.org/10.1126/science.abb7314>
- Rother, E. T. (2007). *Revisão sistemática X revisão narrativa*. Acta paul. Enferm, *20* (2), p. 5-6.
- Ruiz-Arrondo, I., Portillo, A., Palomar, A. M., Santibanez, S., Santibanez, P., Cervera, C., & Oteo, J. A. (2020). *Detection of SARS-CoV-2 in pets living with COVID-19 owners diagnosed during the COVID-19 lockdown in Spain: A case of an asymptomatic cat with SARS-CoV-2 in Europe* [Preprint]. *Epidemiology*. <https://doi.org/10.1101/2020.05.14.20101444>
- Ryan, K. A., Bewley, K. R., Fotheringham, S. A., Slack, G. S., Brown, P., Hall, Y., Wand, N. I., Marriott, A. C., Cavell, B. E., Tree, J. A., Allen, L., Aram, M. J., Bean, T. J., Brunt, E., Buttigieg, K. R., Carter, D. P., Cobb, R., Coombes, N. S., Findlay-Wilson, S. J., ... Carroll, M. W. (2021). Dose-dependent response to infection with SARS-CoV-2 in the ferret model and evidence of protective immunity. *Nature Communications*, *12*(1), 81. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-20439-y>
- Sacchetto, L., Chaves, B. A., Costa, E. R., de Menezes Medeiros, A. S., Gordo, M., Araújo, D. B., Oliveira, D. B. L., da Silva, A. P. B., Negri, A. F., Durigon, E. L., Hanley, K. A., Vasilakis, N., de Lacerda, M. V. G., & Nogueira, M. L. (2021). Lack of Evidence of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Spillover in Free-Living Neotropical Non-Human Primates, Brazil. *Viruses*, *13*(10), 1933. <https://doi.org/10.3390/v13101933>
- Sawatzki, K., Hill, N. J., Puryear, W. B., Foss, A. D., Stone, J. J., & Runstadler, J. A. (2021). Host barriers to SARS-CoV-2 demonstrated by ferrets in a high-exposure domestic setting. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *118*(18), e2025601118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2025601118>
- Saxena, S. K. (Org.). (2020). *Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): Epidemiology, Pathogenesis, Diagnosis, and Therapeutics*. Springer Singapore.
- Shan, C., Yao, Y.-F., Yang, X.-L., Zhou, Y.-W., Gao, G., Peng, Y., Yang, L., Hu, X., Xiong, J., Jiang, R.-D., Zhang, H.-J., Gao, X.-X., Peng, C., Min, J., Chen, Y., Si, H.-R., Wu, J., Zhou, P., Wang, Y.-Y., ... Yuan, Z.-M. (2020). Infection with novel coronavirus (SARS-CoV-2) causes pneumonia in Rhesus macaques. *Cell Research*, *30*(8), 670–677. <https://doi.org/10.1038/s41422-020-0364-z>
- Shang, J., Wan, Y., Luo, C., Ye, G., Geng, Q., Auerbach, A., & Li, F. (2020). Cell entry mechanisms of SARS-CoV-2. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *117*(21), 11727–11734. <https://doi.org/10.1073/pnas.2003138117>
- Shapiro, J. T., Viquez-R, L., Leopardi, S., Vicente-Santos, A., Mendenhall, I. H., Frick, W. F., Kading, R. C., Medellín, R. A., Racey, P., & Kingston, T. (2021). Setting the Terms for Zoonotic Diseases: Effective Communication for Research, Conservation, and Public Policy. *Viruses*, *13*(7), 1356. <https://doi.org/10.3390/v13071356>
- Sharun, K., Tiwari, R., Natesan, S., & Dhama, K. (2021). SARS-CoV-2 infection in farmed minks, associated zoonotic concerns, and importance of the One Health approach during the ongoing COVID-19 pandemic. *Veterinary Quarterly*, *41*(1), 50–60. <https://doi.org/10.1080/01652176.2020.1867776>
- Shen, M., Liu, C., Xu, R., Ruan, Z., Zhao, S., Zhang, H., Wang, W., Huang, X., Yang, L., Tang, Y., Yang, T., & Jia, X. (2020). Predicting the Animal Susceptibility and Therapeutic Drugs to SARS-CoV-2 Based on Spike Glycoprotein Combined With ACE2. *Frontiers in Genetics*, *11*, 575012. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.575012>
- Shi, J., Wen, Z., Zhong, G., Yang, H., Wang, C., Huang, B., Liu, R., He, X., Shuai, L., Sun, Z., Zhao, Y., Liu, P., Liang, L., Cui, P., Wang, J., Zhang, X., Guan, Y., Tan, W., Wu, G., ... Bu, Z. (2020). Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS–coronavirus 2. *Science*, *368*(6494), 1016–1020. <https://doi.org/10.1126/science.abb7015>
- Shou, S., Liu, M., Yang, Y., Kang, N., Song, Y., Tan, D., Liu, N., Wang, F., Liu, J., & Xie, Y. (2021). Animal Models for COVID-19: Hamsters, Mouse, Ferret, Mink, Tree Shrew, and Non-human Primates. *Frontiers in Microbiology*, *12*, 626553. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.626553>
- Shrestha, L. B., Foster, C., Rawlinson, W., Tedla, N., & Bull, R. A. (2022). Evolution of the SARS-CoV-2 omicron variants BA.1 to BA.5: Implications for immune escape and transmission. *Reviews in Medical Virology*. <https://doi.org/10.1002/rmv.2381>
- Shuai, H., Chan, J. F.-W., Yuen, T. T.-T., Yoon, C., Hu, J.-C., Wen, L., Hu, B., Yang, D., Wang, Y., Hou, Y., Huang, X., Chai, Y., Chan, C. C.-S., Poon, V. K.-M., Lu, L., Zhang, R.-Q., Chan, W.-M., Ip, J. D., Chu, A. W.-H., ... Chu, H. (2021). Emerging SARS-CoV-2 variants expand species tropism to murines. *EBioMedicine*, *73*, 103643. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2021.103643>
- Sia, S. F., Yan, L.-M., Chin, A. W. H., Fung, K., Choy, K.-T., Wong, A. Y. L., Kaewpreedee, P., Perera, R. A. P. M., Poon, L. L. M., Nicholls, J. M., Peiris, M., & Yen, H.-L. (2020). Pathogenesis and transmission of SARS-CoV-2 in golden hamsters. *Nature*, *583*(7818), 834–838. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2342-5>
- Singh, A. P. (2018). Asiatic Lion *Panthera leo persica* Population Estimation in Asiatic Lion Landscape: Its Status, Dispersion and Management Challenges. *Journal of the Bombay Natural History Society (JBNHS)*, *0*(0). <https://doi.org/10.17087/jbnhs/2018/v115/116570>

- Sironi, V. A., Inglese, S., & Lavazza, A. (2022). The “One Health” approach in the face of COVID-19: How radical should it be? *Philosophy, Ethics, and Humanities in Medicine*, 17(1), 3. <https://doi.org/10.1186/s13010-022-00116-2>
- Sit, T. H. C., Brackman, C. J., Ip, S. M., Tam, K. W. S., Law, P. Y. T., To, E. M. W., Yu, V. Y. T., Sims, L. D., Tsang, D. N. C., Chu, D. K. W., Perera, R. A. P. M., Poon, L. L. M., & Peiris, M. (2020). Infection of dogs with SARS-CoV-2. *Nature*, 586(7831), 776–778. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2334-5>
- Song, Z., Bao, L., Yu, P., Qi, F., Gong, S., Wang, J., Zhao, B., Liu, M., Han, Y., Deng, W., Liu, J., Wei, Q., Xue, J., Zhao, W., & Qin, C. (2021). SARS-CoV-2 Causes a Systemically Multiple Organs Damages and Dissemination in Hamsters. *Frontiers in Microbiology*, 11, 618891. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.618891>
- Spelman, L. H., Gilardi, K. V. K., Lukasiak-Braum, M., Kinani, J.-F., Nyirakaragire, E., Lowenstine, L. J., & Cranfield, M. R. (2013). RESPIRATORY DISEASE IN MOUNTAIN GORILLAS ( *GORILLA BERINGEI BERINGEI* ) IN RWANDA, 1990–2010: OUTBREAKS, CLINICAL COURSE, AND MEDICAL MANAGEMENT. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 44(4), 1027–1035. <https://doi.org/10.1638/2013-0014R.1>
- Statens Serum Institut. Mutations in the mink virus. 5 Nov 2020. <https://www.ssi.dk/aktuelt/nyheder/2020/mutationer-i-minkvirus>
- Stolp, B., Stern, M., Ambiel, I., Hofmann, K., Morath, K., Gallucci, L., Cortese, M., Bartenschlager, R., Ruggieri, A., Graw, F., Rudelius, M., Keppler, O. T., & Fackler, O. T. (2022). SARS-CoV-2 variants of concern display enhanced intrinsic pathogenic properties and expanded organ tropism in mouse models. *Cell Reports*, 38(7), 110387. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2022.110387>
- Su, S., Wong, G., Shi, W., Liu, J., Lai, A. C. K., Zhou, J., Liu, W., Bi, Y., & Gao, G. F. (2016). Epidemiology, Genetic Recombination, and Pathogenesis of Coronaviruses. *Trends in Microbiology*, 24(6), 490–502. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.03.003>
- Sun, S.-H., Chen, Q., Gu, H.-J., Yang, G., Wang, Y.-X., Huang, X.-Y., Liu, S.-S., Zhang, N.-N., Li, X.-F., Xiong, R., Guo, Y., Deng, Y.-Q., Huang, W.-J., Liu, Q., Liu, Q.-M., Shen, Y.-L., Zhou, Y., Yang, X., Zhao, T.-Y., ... Wang, Y.-C. (2020). A Mouse Model of SARS-CoV-2 Infection and Pathogenesis. *Cell Host & Microbe*, 28(1), 124–133.e4. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.05.020>
- Sun, Y., Lin, W., Dong, W., & Xu, J. (2022). Origin and evolutionary analysis of the SARS-CoV-2 Omicron variant. *Journal of Biosafety and Biosecurity*, 4(1), 33–37. <https://doi.org/10.1016/j.jobbb.2021.12.001>
- USDA APHIS | Cases of SARS-CoV-2 in Animals in the United States. (8 de Agosto de 2022). USDA FAQ's and Resources about Coronavirus (COVID-19). <https://www.aphis.usda.gov/aphis/dashboards/tableau/sars-dashboard>
- Vandegrift, K. J., Yon, M., Surendran-Nair, M., Gontu, A., Amirthalingam, S., Nissly, R. H., Levine, N., Stuber, T., DeNicola, A. J., Boulanger, J. R., Kotschwar, N., Aucoin, S. G., Simon, R., Toal, K., Olsen, R. J., Davis, J. J., Bold, D., Gaudreault, N. N., Richt, J. A., ... Kuchipudi, S. V. (2022). *Detection of SARS-CoV-2 Omicron variant (B.1.1.529) infection of white-tailed deer* [Preprint]. *Microbiology*. <https://doi.org/10.1101/2022.02.04.479189>
- Vijaykrishna, D., Smith, G. J. D., Zhang, J. X., Peiris, J. S. M., Chen, H., & Guan, Y. (2007). Evolutionary Insights into the Ecology of Coronaviruses. *Journal of Virology*, 81(8), 4012–4020. <https://doi.org/10.1128/JVI.02605-06>
- Wang, L. (Org.). (2022). *Animal Coronaviruses*. Springer US. <https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2091-5>
- Wang, L., Gyimesi, Z. S., Killian, M. L., Torchetti, M., Olmstead, C., Fredrickson, R., & Terio, K. A. (2022). Detection of SARS-CoV-2 clade B.1.2 in three snow leopards. *Transboundary and Emerging Diseases*, tbed.14625. <https://doi.org/10.1111/tbed.14625>
- Wang, L., Mitchell, P. K., Calle, P. P., Bartlett, S. L., McAloose, D., Killian, M. L., Yuan, F., Fang, Y., Goodman, L. B., Fredrickson, R., Elvinger, F., Terio, K., Franzen, K., Stuber, T., Diel, D. G., & Torchetti, M. K. (2020). Complete Genome Sequence of SARS-CoV-2 in a Tiger from a U.S. Zoological Collection. *Microbiology Resource Announcements*, 9(22), e00468-20. <https://doi.org/10.1128/MRA.00468-20>
- Wei, C., Shan, K.-J., Wang, W., Zhang, S., Huan, Q., & Qian, W. (2021). Evidence for a mouse origin of the SARS-CoV-2 Omicron variant. *Journal of Genetics and Genomics*, 48(12), 1111–1121. <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2021.12.003>
- Westhaus, S., Weber, F.-A., Schiwy, S., Linnemann, V., Brinkmann, M., Widera, M., Greve, C., Janke, A., Hollert, H., Wintgens, T., & Ciesek, S. (2021). Detection of SARS-CoV-2 in raw and treated wastewater in Germany – Suitability for COVID-19 surveillance and potential transmission risks. *Science of The Total Environment*, 751, 141750. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.141750>
- Woo, P. C. Y., Lau, S. K. P., Lam, C. S. F., Lau, C. C. Y., Tsang, A. K. L., Lau, J. H. N., Bai, R., Teng, J. L. L., Tsang, C. C. C., Wang, M., Zheng, B.-J., Chan, K.-H., & Yuen, K.-Y. (2012). 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. *Journal of Virology*, 86(7), 3995–4008. <https://doi.org/10.1128/JVI.06540-11>
- World Health Organization. (2022, July 26). *WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard*. WHO. Retrieved July 26, 2022, from <https://covid19.who.int>
- 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, H.-W., Yan, J., Gao, G. F., & 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(1), 68. <https://doi.org/10.1038/s41421-020-00210-9>
- Xavier, A. R., Silva, J. S., Almeida, J. P. C. L., Conceição, J. F. F., Lacerda, G. S., & Kanaan, S. (2020). COVID-19: Clinical and laboratory manifestations in novel coronavirus infection. *Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial*. <https://doi.org/10.5935/1676-2444.20200049>
- Xiang, B., Yang, L., Ye, Z., Ren, T., & Ye, Y. (2022). Vaccination of susceptible animals against SARS-CoV-2. *Journal of Infection*, 84(5), e48–e49. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2022.03.005>
- Yan, H., Jiao, H., Liu, Q., Zhang, Z., Xiong, Q., Wang, B.-J., Wang, X., Guo, M., Wang, L.-F., Lan, K., Chen, Y., & Zhao, H. (2021). ACE2 receptor usage reveals variation in susceptibility to SARS-CoV and SARS-CoV-2 infection among bat species. *Nature Ecology & Evolution*, 5(5), 600–608. <https://doi.org/10.1038/s41559-021-01407-1>

Yen, H.-L., Sit, T. H. C., Brackman, C. J., Chuk, S. S. Y., Gu, H., Tam, K. W. S., Law, P. Y. T., Leung, G. M., Peiris, M., Poon, L. L. M., Cheng, S. M. S., Chang, L. D. J., Krishnan, P., Ng, D. Y. M., Liu, G. Y. Z., Hui, M. M. Y., Ho, S. Y., Su, W., Sia, S. F., ... Yung, L. (2022). Transmission of SARS-CoV-2 delta variant (AY.127) from pet hamsters to humans, leading to onward human-to-human transmission: A case study. *The Lancet*, 399(10329), 1070–1078. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(22\)00326-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(22)00326-9)

Zambrano-Mila, M. S., Freire-Paspuel, B., Orlando, S. A., & Garcia-Bereguian, M. A. (2022). SARS-CoV-2 infection in free roaming dogs from the Amazonian jungle. *One Health*, 14, 100387. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2022.100387>

Zaneti, R. N., Girardi, V., Spilki, F. R., Mena, K., Westphalen, A. P. C., da Costa Colares, E. R., Pozzebon, A. G., & Etchepare, R. G. (2021). Quantitative microbial risk assessment of SARS-CoV-2 for workers in wastewater treatment plants. *Science of The Total Environment*, 754, 142163. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.142163>

Zhang, Z., Zhang, Y., Liu, K., Li, Y., Lu, Q., Wang, Q., Zhang, Y., Wang, L., Liao, H., Zheng, A., Ma, S., Fan, Z., Li, H., Huang, W., Bi, Y., Zhao, X., Wang, Q., Gao, G. F., Xiao, H., ... Sun, Y. (2021). The molecular basis for SARS-CoV-2 binding to dog ACE2. *Nature Communications*, 12(1), 4195. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-24326-y>

Zheng, H., Li, H., Guo, L., Liang, Y., Li, J., Wang, X., Hu, Y., Wang, L., Liao, Y., Yang, F., Li, Y., Fan, S., Li, D., Cui, P., Wang, Q., Shi, H., Chen, Y., Yang, Z., Yang, J., ... Liu, L. (2020). Virulence and pathogenesis of SARS-CoV-2 infection in rhesus macaques: A nonhuman primate model of COVID-19 progression. *PLOS Pathogens*, 16(11), e1008949. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1008949>

Zhou, P., Yang, X.-L., Wang, X.-G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., Si, H.-R., Zhu, Y., Li, B., Huang, C.-L., Chen, H.-D., Chen, J., Luo, Y., Guo, H., Jiang, R.-D., Liu, M.-Q., Chen, Y., Shen, X.-R., Wang, X., ... Shi, Z.-L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(7798), 270–273. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>