

## III CONGRESO BIENAL

## ASOCIACIÓN COLOMBIANA DE SALUD PÚBLICA - ACSP

"Construyendo Salud y Bienestar desde y en las Regiones en tiempos de Pandemia" 1 y 2 de octubre de 2021 Villavicencio, Colombia

**Revisión sistemática y análisis filogenético de los aislamientos de SARS-CoV-2 en perros y gatos domésticos del mundo****Systematic review and phylogenetic analysis of SARS-CoV-2 isolates in domestic dogs and cats worldwide****Revisão sistemática e análise filogenética de isolados de SARS-CoV-2 em cães e gatos domésticos em todo o mundo**

Recibido: 24 de septiembre de 2021

Aceptado: 01 de Octubre de 2021

**Dumar A. Jaramillo-Hernández<sup>1</sup>**,  
MVZ, PhD;  <https://orcid.org/0000-0003-1377-1747>**María A. Velásquez-Peña<sup>2</sup>**,  
Estudiante MVZ;  
 <https://orcid.org/0000-0003-3169-2399>**María C. Chacón-García<sup>3</sup>**,  
Estudiante MVZ;  
 <https://orcid.org/0000-0002-1694-4538><sup>2</sup> Joven Investigadora Universidad de los Llanos, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales,  
Email: maria.velasquez.pena@unillanos.edu.co<sup>3</sup> Joven Investigadora Universidad de los Llanos, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales,  
Email: maria.chacon.garcia@unillanos.edu.coEste artículo se encuentra bajo licencia:  
Creative Commons Atribución-NoComercial-SinDerivadas 4.0 InternacionalOrinoquia, Julio-Diciembre 2021; 25(2): 37-39  
ISSN electrónico: 2011-2629  
ISSN impreso: 0121-3709  
<https://doi.org/10.22579/20112629.745><sup>1</sup> Docente Investigador Universidad de los Llanos, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales. Escuela de Ciencias Animales, Email: dumar.jaramillo@unillanos.edu.co**Como Citar (Norma Vancouver):**Jaramillo-Hernández DA, Velásquez-Peña MA, Chacón-García MC. Revisión sistemática y análisis filogenético de los aislamientos de SARS-CoV-2 en perros y gatos domésticos del mundo. Orinoquia. Orinoquia, 2021;25(2): 37-39 <https://doi.org/10.22579/20112629.745>**Resumen**

La constante investigación respecto al coronavirus tipo 2 causante del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2) requiere de revisiones periódicas en las que se concentre información reciente y relevante. El objetivo de éste estudio fue realizar una revisión sistemática epidemiológica del SARS-CoV-2 en caninos y felinos domésticos, así como el análisis filogenético de las secuencias genéticas del virus aisladas de perros y gatos del mundo, reportadas en la plataforma GISAID. La revisión sistemática se estructuró a partir del protocolo PRISMA. Las palabras claves utilizadas fueron: SARS-CoV-2, COVID-19, caninos, felinos, animales de compañía, reservorios animales y zoonosis. Adicionalmente, se seleccionaron todas las secuenciaciones genéticas del SARS-CoV-2 aisladas de perros y gatos alrededor del mundo, publicadas en la base de datos "EpiCov" de la plataforma GISAID, las cuales fueron analizadas a través de la plataforma Nextclade para la generación de los árboles filogenéticos respectivos. En cuanto a los resultados, en el mundo se ha reportado el aislamiento de material génico del SARS-CoV-2 en 99 perros y 108 gatos infectados naturalmente con éste virus. Además, existe un total mundial de 133 secuencias genéticas de SARS-CoV-2 en caninos (45) y feli-

nos (88) domésticos reportadas en GISAID, donde las variantes preocupantes (VOC) (Alpha y Delta) y las variantes de interés (Iota y Lambda) para la salud pública según la OMS, han sido aisladas. Por otra parte, el linaje viral B.1. ha sido el de mayor predominancia tanto en caninos como en felinos (13,3%) y los clados Nextstrain 19A (24,1%) y GISAID GH (32,3%) los de mayor frecuencia, así como Norteamérica la región con mayor cantidad de genomas de SARS-CoV-2 aislados de caninos y felinos domésticos (40,1%). En conclusión, los caninos y felinos domésticos son susceptibles a la infección por SARS-CoV-2, probablemente gracias a un efecto de spillover desde el ser humano. Debido a su baja capacidad de transmitir el virus a otras especies animales, los animales de compañía pueden considerarse un fondo de saco epidemiológico en la dinámica de transmisión del virus. Por último, que las VOC Alpha y Delta logran infectar tanto perros como gatos, es un hallazgo evidentemente significativo para la salud pública mundial y el conocimiento de la dinámica epidemiológica de éste nuevo virus.

**Palabras clave:** epidemiología, síndrome respiratorio agudo severo por coronavirus 2 (SARS-CoV-2), filogenia, enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19).

---

## Abstract

The constant investigation regarding the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) requires periodic reviews in which recent and relevant information is concentrated. The objective of this study was to carry out a systematic epidemiological review of SARS-CoV-2 in domestic dogs and cats, as well as the phylogenetic analysis of the genetic sequences of the virus isolated from dogs and cats around the world, reported on GISAID's platform. This systematic review was structured based on the PRISMA protocol. The keywords used were: SARS-CoV-2, COVID-19, canines, felines, companion animals, animal reservoirs, and zoonoses. Additionally, all the genetic sequences of SARS-CoV-2 isolated from dogs and cats around the world, published in the "EpiCov" database of GISAID's platform, were selected and analyzed through Nextclade's platform for the generation of the respective phylogenetic trees. Regarding the results, the isolation of SARS-CoV-2 gene material in 99 dogs and 108 cats naturally infected with this virus has been reported worldwide. In addition, there is a global total of 133 genetic sequences of SARS-CoV-2 in domestic canines (45) and felines (88) reported in GISAID, where the variants of concern (VOC) (Alpha and Delta) and the variants of interest (Iota and Lambda) for public health according to the WHO, have been isolated. On the other hand, the viral lineage B.1. has been the most predominant in both canines and felines (13.3%) and the clades Nextstrain 19A (24.1%) and GISAID GH (32.3%) the most frequent, as well as North America the region with the highest number of SARS-CoV-2 genomes isolated from domestic canines and felines (40.1%). In conclusion, domestic canines and felines are susceptible to SARS-CoV-2 infection, probably due to a spillover effect from humans. Due to their low capacity to transmit the virus to other animal species, companion animals can be considered epidemiological dead-end hosts in the virus transmission dynamics. Finally, that the VOC Alpha and Delta were able to infect both dogs and cats, is an obviously significant finding for global public health and knowledge of the epidemiological dynamics of this new virus.

**Key words:** epidemiology, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), phylogeny, coronavirus disease 2019 (COVID-19).

---

## Resumo

A investigação constante sobre o coronavírus tipo 2 causador da síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV-2) exige revisões periódicas nas quais se concentrem informações recentes e relevantes. O objetivo deste estudo foi realizar uma revisão epidemiológica sistemática do SARS-CoV-2 em cães e gatos domésticos, bem como a análise filogenética das sequências genéticas do vírus isolados de cães e gatos em todo o mundo, relatadas na plataforma GISAID. A revisão sistemática foi estrutu-

rada com base no protocolo PRISMA. As palavras-chave utilizadas foram: SARS-CoV-2, COVID-19, caninos, felinos, animais de companhia, reservatórios de animais e zoonoses. Adicionalmente, foram selecionadas todas as sequências genéticas de SARS-CoV-2 isoladas de cães e gatos de todo o mundo, publicadas na base de dados "EpiCov" da plataforma GISAID, que foram analisadas através da plataforma Nextclade para geração das respectivas árvores filogenéticas. Em relação aos resultados, foi relatado no mundo o isolamento do material do gene SARS-CoV-2 em 99 cães e 108 gatos naturalmente infectados com esse vírus. Além disso, há um total global de 133 sequências genéticas de SARS-CoV-2 em caninos domésticos (45) e felinos (88) relatados no GISAID, onde as variantes de interesse (VOC) (Alpha e Delta) e as variantes de interesse (Iota e Lambda) para a saúde pública segundo a OMS, foram isolados. Por outro lado, a linhagem viral B.1. tem sido o mais predominante tanto em caninos quanto em felinos (13,3%) e os clados Nextstrain 19A (24,1%) e GISAID GH (32,3%) os mais frequentes, assim como a América do Norte a região com maior número de SARS-CoV-2 genomas isolados de caninos e felinos domésticos (40,1%). Em conclusão, caninos e felinos domésticos são suscetíveis à infecção por SARS-CoV-2, provavelmente devido a um efeito de transbordamento de humanos. Devido à sua baixa capacidade de transmitir o vírus para outras espécies animais, os animais de companhia podem ser considerados um beco sem saída epidemiológico na dinâmica de transmissão do vírus. Finalmente, que o VOC Alpha e Delta foram capazes de infectar cães e gatos é uma descoberta obviamente significativa para a saúde pública global e o conhecimento da dinâmica epidemiológica desse novo vírus.

**Palavras-chave:** epidemiologia, síndrome respiratória aguda grave coronavírus 2 (SARS-CoV-2), filogenia, doença de coronavírus 2019 (COVID-19).

## Referencias

- (OIE) World Organisation for Animal Health (2021). SARS-COV-2 IN ANIMALS – SITUATION REPORT 2 SARS-COV-2 IN ANIMALS – SITUATION REPORT 2, (August), 2020–2022.
- Banerjee A, Mossman K, Baker ML. Zoonoanthropotic potential of SARS-CoV-2 and implications of reintroduction into human populations. *Cell Host and Microbe*, 2021;29(2):160-164. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2021.01.004>
- Dias HG, Resck MEB, Caldas GC, Resck AF, Da Silva NV, Dos Santos AMV, Dos Santos FB. Neutralizing antibodies for SARS-CoV-2 in stray animals from Rio de Janeiro, Brazil. *PLoS ONE*, 2021;16(3March):1-8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248578>
- Drózdź M, Krzyżek P, Dudek B, Makuch S, Janczura A, Paluch E. Current State of Knowledge about Role of Pets in Zoonotic Transmission of SARS-CoV-2. *Viruses*, 2021;13(6): <https://doi.org/10.3390/v13061149>
- Ekstrand K, Flanagan AJ, Lin IE, Vejseli B, Cole A, Lally AP, Morgan KN. (2021). Animal Transmission of SARS-CoV-2 and the Welfare of Animals during the COVID-19 Pandemic, Pp.1-38.
- Ma C, Gong C. ACE2 models of frequently contacted animals provide clues of their SARS-CoV-2 S protein affinity and viral susceptibility. *Journal of Medical Virology*, 2021;(March):1-11. <https://doi.org/10.1002/jmv.26953>
- Pagani G, Lai A, Bergna A, Rizzo A, Stranieri A, Giordano A, Zehender G. Human-to-cat sars-cov-2 transmission: Case report and full-genome sequencing from an infected pet and its owner in Northern Italy. *Pathogens*, 2021;10(2):1-6. <https://doi.org/10.3390/pathogens10020252>
- Villanueva-Saz S, Giner J, Tobajas AP, Pérez MD, González-Ramírez AM, Macías-León J, Fernández A. Serological evidence of SARS-CoV-2 and co-infections in stray cats in Spain. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2021;(March):1-9. <https://doi.org/10.1111/tbed.14062>