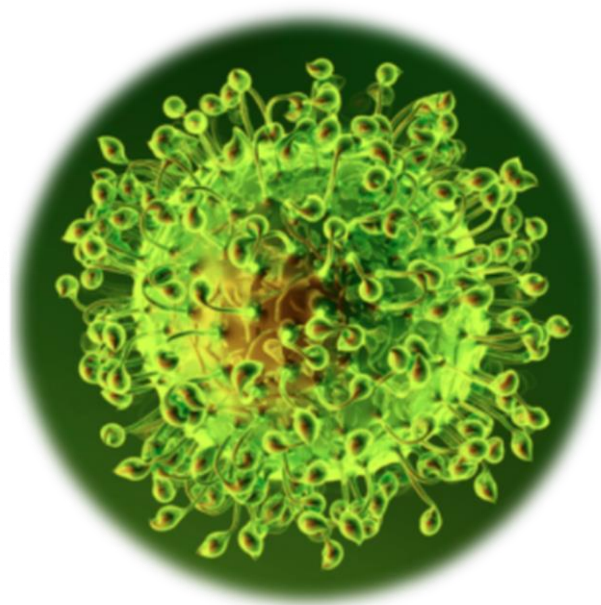


2020

Marzo

Departamento de
Enfermedades Zoonóticas y
Medicina Veterinaria

Petrina JF;Rodriguez Eugui JI



[INFORME CORONAVIRUS: ORIGENES Y PARTICULARIDADES]

Ministerio de Salud de Tierra del Fuego Antártida e Islas del Atlántico Sur

Contenido

Introducción.....	2
Agente etiológico y huéspedes	2
Orígenes.....	4
SARS-CoV.....	5
MERS-CoV.....	7
SARS-CoV-2 (causante del COVID-19)	7
Productos de origen animal.....	10
COVID-19 y los animales domésticos	12
Diagnóstico.....	13
Referencias bibliográficas.....	14

Introducción

El presente busca aportar información a los equipos de salud pública, los médicos, médicos veterinarios y demás profesionales/técnicos del ámbito privado como a otras instituciones interesadas, en relación al origen de los coronavirus y características de los mismos.

Las interacciones entre salud humana y animal no son una novedad. Pero el alcance, la magnitud y las repercusiones mundiales de las zoonosis que enfrentamos actualmente no tienen precedentes históricos. El comienzo de una nueva era de enfermedades emergentes y reemergentes y la importancia de sus consecuencias potenciales en la salud pública han modificado profundamente nuestras miras y actividades. La mayoría de las enfermedades emergentes aparecidas en los últimos tiempos son de origen animal y casi todas ellas son potencialmente zoonóticas. (Ballat V, 2020).

Teniendo en cuenta la trascendencia del nuevo virus y la mediatización consecuente, es menester recabar información científicamente respaldada que colabore a tener un panorama más claro de la situación.

Agente etiológico y huéspedes

Se denominan coronavirus porque la partícula viral muestra una característica “corona” de proteínas espiculares alrededor de la envoltura lipídica. (OIE, 2020).

Los coronavirus (CoV) son un grupo de virus de ARN envueltos, monocatenarios (de sentido positivo) que pertenecen al orden *Nidovirales*, familia *Coronaviridae*.

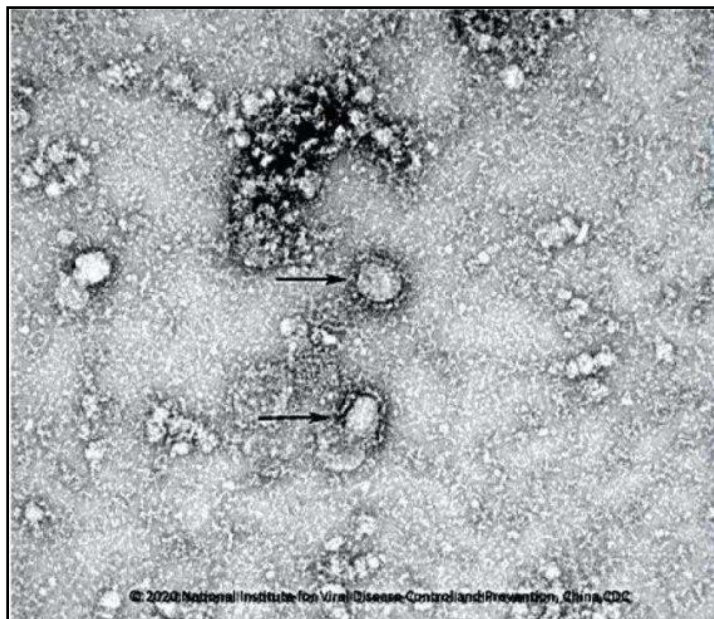


Imagen 1. Micrografía del COVID-19. National Institute for Viral Disease Control and Prevention, China CDC. 2020.

Desde un punto de vista académico, CoV se puede dividir en cuatro géneros, a saber Alphacoronaviruses, Betacoronaviruses, Gammacoronaviruses, y Deltacoronaviruses. Los alfacoronavirus y betacoronavirus se encuentran generalmente en mamíferos, mientras que los gammacoronavirus y deltacoronavirus se asocian principalmente con las aves y peces. (Hu y col., 2018).

Estos virus son comunes en todo el mundo. Se habían identificado seis CoV diferentes en humanos, hoy siete. Los primeros informes de CoV humano (HCoV) endémico se remontan a la década de 1960, cuando se describieron HCoV-OC43 y HCoV-229E. Por otro lado HCoV-NL63 y HCoV-HKU1 se descubrieron en 2004 y 2005, respectivamente. Estos causan enfermedades leves y moderadas alrededor del mundo. Sin embargo, los otros dos coronavirus, SARS-Coronavirus (SARS-CoV) y MERS-Coronavirus (MERS-CoV) causan con frecuencia una enfermedad grave. (Corman y col., 2018).

Los CoV poseen amplia distribución en América Latina. En la región afecta sobre todo a animales, desde aves a mamíferos, entre ellos el ganado bovino y los murciélagos. (SciDev, 2020). El coronavirus canino, que puede causar diarrea leve, siendo otro asociado a la

enfermedad multifactorial “bronquitis infecciosa”, y el coronavirus felino, que puede provocar enteritis y también causar la peritonitis infecciosa felina (PIF), los CoV de ambas especies pertenecen al grupo alfa. En animales de producción, esta familia de virus causa enfermedades como la bronquitis infecciosa aviar, la diarrea neonatal del ternero, la disentería de invierno, la gastroenteritis transmisible porcina, la diarrea epidémica porcina, entre otras; son de afecciones entéricas en su mayoría o respiratorias (OIE, 2020; WSAVA, 2020), lo que se considera de importancia cuando se visualiza el impacto que puedan generar en la producción de alimentos, más allá de las pérdidas económicas que pueda provocar en la producción pecuaria.

El emergido coronavirus es una nueva cepa que no se había identificado previamente en humanos (OIE, 2020), y pasaría a ser el séptimo CoV que afecta a la especie.

Algo inherente a los coronavirus es que son propensos a recombinarse, y eso es un factor que ayuda a que “salten” de una especie a otra, de animales a humanos. (SciDev, 2020).

Orígenes

Como ya se mencionó, existen gran cantidad de CoV en diferentes animales y más de una variedad de los mismos en cada especie animal.

Basados en estudios de la temática, parecería que los animales silvestres son claves y de mayor importancia en el origen zoonótico de los coronavirus.

La diseminación inter-especies de coronavirus en nuevos hospedadores ocurre con frecuencia, el SARS-CoV y el MERS-CoV son los ejemplos más notables de infección intraespecies hacia los humanos. Los coronavirus bovino, respiratorio canino, dromedario y el humano OC43, provienen potencialmente del mismo ancestro común, lo que demuestra la flexibilidad viral para adaptarse a nuevos huéspedes.

Mattar y Gonzalez ya en 2018 describieron que “...a futuro, uno o más de estos, incluso otros coronavirus podrían propagarse a los humanos, como sucedió en el pasado con los dromedarios”, anticipándose de esta manera a lo que comenzó a suceder en 2019.

Para demostrar que los murciélagos albergan más diversidad de CoV que otros mamíferos hospedadores, se han hecho análisis filogenéticos de los géneros alfa y beta-coronavirus, los cuales fueron ampliamente encontrados en los quirópteros (orden que alberga a los murciélagos). Se ha demostrado el origen zoonótico de cuatro de los seis (hoy siete) CoV humanos conocidos (HCV), tres de los cuales probablemente involucraron murciélagos: SARS-CoV, MERS-CoV y HCoV-229E. (Mattar y Gonzalez, 2018).

Avanzando en este tema, según un artículo de Corman y col. (2018), se ha propuesto que todos los HCoVs (coronavirus humanos) pueden ser de origen zoonótico, y de hecho pueden originarse en murciélagos (ver figura 1). El escenario común de la evolución de CoV involucra entonces transiciones pasadas en hospedadores intermedios, como el ganado, que tienen una interacción más cercana con los humanos, y que pueden transportar una diversidad de virus, incluidas variantes directamente relacionadas con cepas ancestrales. El descubrimiento de virus intermediarios puede permitir comparaciones entre las características virales originales y actuales en humanos, aclarando el proceso de adaptación humana. Sin embargo, todavía hay una gran falta de datos completos sobre la historia evolutiva de la mayoría de los HCoV.

Teniendo en cuenta que la mayoría de los casos humanos infectados por HCoV son leves, describiremos brevemente lo correspondiente a los virus SARS-CoV, MERC-CoV y SARS-CoV-2 (causante de la COVID-19).

SARS-CoV

En el 2002, el SARS-CoV apareció en la provincia de Guangdong en el sur de China. El SARS-CoV es el agente causante del brote del síndrome respiratorio agudo severo (SRAS)

que ocurrió en 2002-2003. Este brote de SARS fue la primera pandemia humana en estallar desde principios del siglo XXI, se extendió a 27 países, infectando a 8.098 personas y provocando 774 muertes; se caracterizó por una tasa de letalidad aproximada del 10%. Las civetas de palma (mamífero carnívoro asiático) se consideraron inicialmente el reservorio natural del SARS-CoV debido al aislamiento de varias cepas de SARS-CoV de las civetas de palma que se comercializaron en los mercados húmedos de la provincia china de Guangdong en 2003. Sin embargo, los estudios posteriores mostraron que el virus se detectó solo en civetas de palma de origen de mercado que se examinaron antes del sacrificio, pero no en las pruebas posteriores; Las civetas capturadas de la naturaleza también dieron negativo para el virus. Este hallazgo sugirió que las civetas de palma sirvieron solo como un depósito intermedio y, por lo tanto, no son un depósito natural para el SARS-CoV. Los murciélagos poseen capacidad para actuar como reservorios naturales de una amplia variedad de virus, incluidos muchos zoonóticos importantes que están asociados con varias formas graves de enfermedades infecciosas emergentes, como el virus del Ébola, el virus de Nipah, el virus de Hendra y el virus de Marburg, más allá de otras antiguas (pero presente) como el mortal virus de la Rabia. En 2005, equipos de

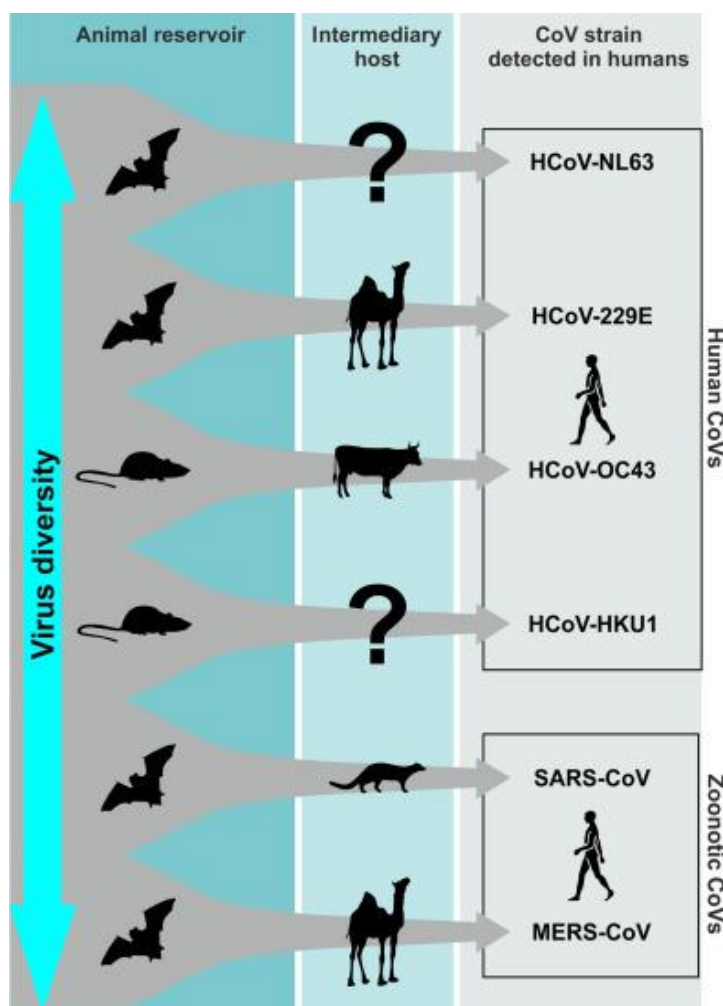


Figura 1. Diagrama resumido de los grupos de animales que representan los hospedadores naturales y los supuestos hospedadores intermedios para los seis CoV encontrados en humanos (Corman y col., 2018).

Hong Kong y China continental descubrieron casi simultáneamente la presencia de SL-CoV en murciélagos de herradura salvajes chinos (*Rhinolophus sinicus*) de China. Estos hallazgos sugirieron que los murciélagos eran los huéspedes naturales del SARS-CoV. El virus aislado mostró más del 95% de identidad de secuencia del genoma del SARS-CoV de humanos y civetas. Otros estudios sobre estos indicaron que el SL-CoV de los murciélagos puede infectar directamente a los humanos y no requiere un huésped intermedio. (Hu y col., 2018).

MERS-CoV

En 2012, la pandemia de SARS-CoV fue seguida por la del síndrome respiratorio de oriente medio (MERS-CoV), cuyo virus causal se identificó por primera vez en Arabia Saudita, a partir de ello se han informado más de 2080 casos de infección por MERS-CoV confirmados por laboratorio a la OMS de 27 países, con al menos 722 muertes, una tasa de mortalidad del 35%. Los dromedarios fueron identificados como la fuente probable de infecciones humanas; sin embargo, nuevamente se descubrió que los murciélagos hospedaban virus estrechamente relacionados (similares a MERS), y por lo tanto, se supone que los murciélagos fueron la fuente evolutiva original. (Mattar y Gonzalez, 2018).

SARS-CoV-2 (causante del COVID-19)

Una nueva enfermedad infecciosa emergente, una enfermedad respiratoria grave originada en Wuhan, provincia de Hubei, China. La Organización Mundial de la Salud (OMS) denominó temporalmente al nuevo virus como el nuevo coronavirus de 2019 (2019-nCoV) y más tarde paso a ser SARS-CoV-2 responsable de la “enfermedad por coronavirus 2019” (COVID-19). (OMS, 2020; WSAVA, 2020).

Aunque cada día se registran más casos en China y en otros lugares, todavía se desconoce la fuente exacta del brote, pero se cree que su origen está relacionado con el mercado de mariscos de Huanan South China, un mercado de mariscos y animales vivos de Wuhan. (WSAVA, 2020; OIE, 2020).

Informe Coronavirus: Orígenes y particularidades

Al menos dos estudios publicados en enero 2020 por la Revista Nature, se enfocan en el posible origen del nuevo virus.

Se obtuvieron secuencias genómicas completas de cinco pacientes en la etapa temprana del brote. Son casi idénticos entre sí y comparten 79.5% de identificación de secuencia con SARS-CoV. Además, se descubrió que 2019-nCoV es 96% idéntico a nivel de genoma completo a un coronavirus de murciélago. El análisis de secuencia de proteínas por pares de siete proteínas no estructurales conservadas muestra que este virus pertenece a la especie de SARSr-CoV. (Zhou y col., 2020). Los mismos autores sugirieron que los humanos se infectaron con el virus directamente de los huéspedes intermedios (sin murciélagos) por contacto.

En otra investigación, a partir muestras de una de las primeras víctimas del brote que trabajó en el mercado de Wuhan, se analizó por estudio filogenético el genoma viral completo (29,903 nucleótidos) y reveló que el virus estaba más estrechamente relacionado (similitud de nucleótidos del 89.1%) con un grupo de coronavirus similares al SARS (género Betacoronavirus, sarbecovirus subgénero) que se habían encontrado previamente en murciélagos en China. (Wu y col., 2020).

A partir de los datos disponibles, dado que las secuencias 2019-nCoV (SARS-CoV-2) se agrupan en una rama sin una topología filogenética clara, se podría inferir que hubo una sola introducción del virus en la población humana, probablemente a partir de animales de mercado, los llamados huéspedes intermedios. Por lo general, la evolución adaptativa está en constante progreso a medida que el virus se propaga entre los nuevos hospedadores. (Li, X y col., 2020).

Los murciélagos podrían haber transmitido el virus a los humanos, pero existen diferencias clave entre los sitios de dominios de unión al receptor en los dos virus. Esto sugiere que este coronavirus de murciélago específico no infectó directamente a las personas, y fortalece la hipótesis del anterior autor, que podría haberse transmitido a las personas a través de un huésped intermedio.

Informe Coronavirus: Orígenes y particularidades

Este brote destaca la capacidad continua de la propagación viral de animales para causar enfermedades graves en humanos.

Los casos se acercan a los 100.000 en varios países del mundo, la inmensa mayoría (más de 80.000) en China, donde se han registrado 2.943 muertes por esta causa, cifra que supera los 3.000 en todo el mundo. Fuera de China se han confirmado casos en 73 países, hasta el 02 de marzo de 2020. (OMS, 2020).

En América se registran casos en Estados Unidos (91 casos), Canadá (33 casos), Ecuador (10 casos), México (5 casos), Guyana Francesa (5 casos), Brasil (3 casos), Chile (3 casos), Saint Martin (2 casos), Saint Barthelemy (1 caso), República Dominicana (1 caso), Argentina (1 caso) al 05/03/20 (ver mapa 1).



Mapa actualizado disponible en:

<http://who.maps.arcgis.com/apps/webappviewer/index.html?id=2203b04c3a5f486685a15482a0d97a87&extent=-18853893.9193%2C-508973.7482%2C-2103789.289%2C8511818.5819%2C102100>

Productos de origen animal

A raíz del brote de COVID-19, se extraen fragmentos de la legislación aprobada en la 16ª Reunión del Comité Permanente de la Asamblea Popular Nacional XIII el 24 de febrero 2020: “Con el propósito de prohibir y castigar el comercio ilegal de vida silvestre, eliminar el hábito poco saludable del consumo indiscriminado de carne de animales salvajes, garantizar la seguridad de la biotecnología y la seguridad ecológica, prevenir los principales riesgos para la salud pública, proteger la vida y la salud humana y mejorar la conservación ecológica para una mayor armonía entre el hombre y naturaleza, el Comité Permanente de la Asamblea Popular Nacional decide: ...prohibir la caza, el comercio, el transporte de animales salvajes o el consumo de carne de los mismos, tal como lo prohíbe la Ley de la República Popular China sobre Protección de la Vida Silvestre y otras leyes pertinentes. Los actos que violen el párrafo anterior estarán sujetos a sanciones más severas que las prescritas en las leyes existentes.... Cuando se requiera el uso no alimentario de animales salvajes para investigación, uso medicinal, exhibición o cualquier otro propósito especial, dicho uso estará sujeto a una estricta revisión y aprobación junto con cuarentena e inspección de acuerdo con las regulaciones estatales relevantes.” (National People’s Congress, 2020).

A través de esta medida se intenta disminuir el contacto y la posibilidad de transmisión de los potenciales animales silvestres intermediarios.

Existen en la actualidad varios estudios de diferentes grupos de investigación respecto a esto. En un inicio se mencionó a una serpiente como posible fuente de infección a humanos, cosa que descartaron. Posteriormente se mencionó sobre la gran similitud de virus encontrados en pangolines (pequeños mamíferos con gran valor por su carne y escamas aunque de comercio ilegal internacional) (ver imagen 2).

Uno de los estudios, publicado por un grupo de investigación internacional, encontró que los coronavirus en muestras de células congeladas de pangolinas traficadas ilegalmente compartían entre el 85.5% y el 92.4% de su ADN con el virus encontrado en humanos. Otros dos artículos publicados también en febrero 2020, de grupos en China, también estudiaron coronavirus de pangolines de contrabando. Los virus fueron 90.23% 3 y 91.02% 4 similares, respectivamente, al virus que causa COVID-19. (Lam y col., 2020; Liu y col., 2020; Zhang y col., 2020).

Según investigadores de la Universidad McMaster, Canadá, la similitud genética debería ser mayor que la informada en estos estudios antes de que se pueda identificar al huésped. Los mismos señalaron que el virus del SARS, del brote del 2002/2003, compartió el 99.8% de su genoma con un coronavirus de civeta, razón por la cual las civetas se consideraron la fuente, por lo que discurren que debería haber mayor coincidencia entre el virus de pangolines y el del brote de COVID-19.

Por el momento estos pequeños mamíferos son el principal sospechoso, pero los análisis genéticos aún no han arrojado pruebas concluyentes.



Imagen 2. Pangolín (*Manis pentadactyla*), posible fuente de infección del brote de COVID-19 (ambientum.com).

A su vez y al igual que otras enfermedades zoonóticas de transmisión alimentaria se recomienda obtener los productos alimenticios en lugares confiables, productos con registros oficiales. De igual manera cocinar suficientemente las carnes y evitar la contaminación cruzada (crudo-cocido) tanto con las manos como con elementos de cocina.

COVID-19 y los animales domésticos

La Asociación Mundial de Clínicos Veterinarios de Pequeños Animales (WSAVA) ha publicado una información sobre el nuevo coronavirus y los animales de compañía.

En dicho informe se enfocan en la falta de certeza actual sobre el real rol que podrían cumplir las mascotas, principalmente caninos y felinos. A la fecha de la publicación se mencionaba que no existía evidencia de que perros y gatos puedan infectarse con el nuevo CoV ni que puedan ser fuente de infección para seres humanos.

Sin embargo, tiempo después se conoció a partir de la denuncia ante la OIE (Organización Internacional de Sanidad Animal, ex Oficina Internacional de Epizootias) donde figura que un perro, mascota de un enfermo de COVID-19 en Hong Kong resultó positivo para el nuevo virus. La información fue recibida el 01/03/2020 por parte del Dr. Thomas Sit, Director Veterinario / Subdirector (Inspección y Cuarentena), del Departamento de Agricultura, Pesca y Conservación, Gobierno de la Región Administrativa Especial de Hong Kong. Respecto a los comentarios epidemiológicos, el can fue puesto en cuarentena el 26 de febrero de 2020 después de que su dueño fue hospitalizado debido a una infección por COVID-19. Después del examen veterinario, se tomaron hisopos nasales, orales, rectales y heces después de la admisión del perro en la instalación de cuarentena. Las muestras nasales y orales resultaron positivas para SARS-CoV-2. El perro no ha exhibido ningún signo clínico específico. Muestras adicionales tomadas el 28 de febrero también dieron positivo. Las investigaciones continúan para determinar la duración de la detección de virus. Existen medidas de gestión de riesgos para este caso, incluida la limpieza y desinfección de las instalaciones, y una adecuada higiene y protección personal.

Y agregan al final, que “las mascotas mamíferos de hogares con casos humanos confirmados de COVID-19 serán sometidas a cuarentena y vigilancia veterinaria durante 14 días”. (OIE, 2020).

Las recomendaciones para propietarios, médicos veterinarios y demás profesiones y oficios que incluyan el contacto con animales son:

No manipular mascotas u otros animales mientras esté enfermo. Si bien aún se desconoce qué papel cumplirían las mascotas en la COVID-19, varios tipos de coronavirus pueden

causar enfermedades en animales y propagarse entre animales y personas. Hasta que sepamos más, evite el contacto con animales y use una mascarilla si debe estar cerca de animales o cuidar a una mascota para protegerla de la posibilidad de transmisión de la enfermedad

En la medida de que existan mascotas en contacto con personas confirmadas con COVID-19, al momento no existe un protocolo o guía para estos posibles casos animales sospechosos. En primera instancia y en base a lo sucedido en Hong Kong debería evitarse que el animal entre en contacto con otros animales como así también las personas que no estén enfermas eviten el contacto con el mismo como medida preventiva. Por lo pronto se habla de la misma cantidad de días que en contactos humanos de casos SARS-CoV-2, es decir, 14 días de seguimiento. Redundamos en comentar que aún se desconoce si los animales domésticos pueden ser considerados como fuente de infección a humanos, como tampoco se conoce si son capaces de enfermarse.

En referencia a las vacunas veterinarias, volviendo al informe de WSAVA, las vacunas contra el coronavirus canino, disponibles en algunos mercados están destinadas a proteger contra la infección por coronavirus entérico y NO están autorizadas para la protección contra infecciones respiratorias. Los veterinarios NO deberían usar tales vacunas ante el actual brote pensando que puede haber alguna forma de protección cruzada contra el nuevo CoV. No hay absolutamente ninguna evidencia de que la vacunación de los perros con las vacunas disponibles en el mercado proporcione una protección cruzada contra la infección por el SARS-CoV-2, ya que los virus entéricos y respiratorios son variantes claramente diferentes de los coronavirus.

Como medidas profilácticas, se debe fortalecer la limpieza y desinfección en mesadas de inspección, caniles y zonas del hogar donde frecuentan los animales; como también la correcta ventilación. Mantener la higiene personal y las medidas de bioseguridad que se implementan en toda enfermedad zoonótica, durante y posterior a toda manipulación o contacto con animales o productos de origen animal.

Diagnóstico

Respecto al diagnóstico clínico en animales (sean domésticos o silvestres) de COVID-19 es actualmente imposible debido a la incógnita antes mencionada sobre la enfermedad en ellos.

Existe el diagnóstico laboratorial, aunque no está disponible a la fecha para ser utilizado en animales. En Argentina el diagnóstico confirmatorio lo realiza el Instituto ANLIS Malbran, en Buenos Aires, pero está reservado para casos sospechosos humanos.

Informe Coronavirus: Orígenes y particularidades

En el caso del perro positivo en Hong Kong se utilizó una PCR transcriptasa inversa en tiempo real.

Cabe aclarar que la prueba previa que se utiliza en casos humanos, el panel respiratorio *FilmArray*, que detecta de forma simultánea 20 patógenos respiratorios, no serviría para el diagnóstico en animales debido a que se utiliza para descartar otras afecciones respiratorias en humanos incluyendo los otros coronavirus humanos HCoV OC43, 229E, NL63 y HKU1 pero no detecta el SARS-CoV-2.

Para obtener información actualizada, por favor, consulte el sitio de la OMS en:

<https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019>

Para obtener información actualizada, por favor, consulte el sitio de la OIE en:

<https://www.oie.int/es/nuestra-experiencia-cientifica/informaciones-especificas-y-recomendaciones/preguntas-y-respuestas-del-nuevo-coronavirus-2019/>

Referencias bibliográficas

Ballat V – OIE. 2020. Zoonosis emergentes y reemergentes. Disponible en: <https://www.oie.int/es/para-los-periodistas/editoriales/detalle/article/emerging-and-re-emerging-zoonoses/>

Bell D, Robertson S, Hunter P. 2004. Orígenes animales del coronavirus del SARS: posibles vínculos con el comercio internacional de pequeños carnívoros. Publicado el: 29 de julio de 2004. Disponible en: <https://doi.org/10.1098/rstb.2004.1492>

Centers for Disease Control and Prevention (CDC). 2020. Ubicaciones con casos confirmados de COVID-19 Mapa global. Estados Unidos. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/locations-confirmed-cases.html>

Corman V, Muth D, Niemeyer D, Drosten C. 2018. Capítulo Ocho Hosts y Fuentes de Coronavirus Humanos Endémicos. En Avances en la investigación de virus. Ed. Elsevier. Vol 100, pp 163-188. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2018.01.001>

Dan Hu, Changqiang Zhu, Lele Ai, Ting He, Yi Wang, Fuqiang Ye, Lu Yang, Chenxi Ding, Xuhui Zhu, Ruicheng Lv, Jin Zhu, Bachar Hassan, Youjun Feng, Weilong Tan y Changjun Wang. 2018. Caracterización genómica y infectividad de un nuevo coronavirus similar al SARS en murciélagos chinos, Microbios e infecciones emergentes, 7: 1, 1-10, DOI: 10.1038 / s41426-018-0155-5

Informe Coronavirus: Orígenes y particularidades

Lam, TT-Y. et al. 2020. Identification of 2019-nCoV related coronaviruses in Malayan pangolins in southern China. Preimpresión en bioRxiv <https://doi.org/10.1101/2020.02.13.945485>

Li, X., Song, Y., Wong, G., and Cui, J. 2020. Bat origin of a new human coronavirus: there and back again. *Sci China Life Sci* 63, 461–462. <https://doi.org/10.1007/s11427-020-1645-7>

Liu, P. y col. 2020. Are pangolins the intermediate host of the 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) ? Preimpresión en bioRxiv <https://doi.org/10.1101/2020.02.18.954628>

Mattar S, Gonzalez M. 2018. Emergencia zoonótica de coronavirus: un potencial riesgo público para América Latina. *Rev.MVZ Córdoba* 23(3):6775-6777, 2018. ISSN: 0122-0268. Disponible en: 10.21897/rmvz.1408

National People's Congress of the People's Republic of China. 2020. 16th Meeting of the Standing Committee of the Thirteenth National People's Congress on February 24, 2020. Disponible en: <http://www.npc.gov.cn/englishnpc/lawsofthepc/202003/e31e4fac9a9b4df693d0e2340d016dcd.shtml>

Organización Internacional de Sanidad Animal (OIE). 2020. Preguntas y respuestas sobre la enfermedad del coronavirus de 2019 (COVID-19). Disponible en: <https://www.oie.int/es/nuestra-experiencia-cientifica/informaciones-especificas-y-recomendaciones/preguntas-y-respuestas-del-nuevo-coronavirus-2019/>

Organización Internacional de Sanidad Animal (OIE). 2020. Resumen informe oficial OIE. Disponible en: https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_page_refer=MapFullEventReport&reportid=33455

Organización Mundial de la Salud (OMS). 2020. Brote de enfermedad por coronavirus (COVID-19). Disponible en: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>

SciDev.Net (Sitio). Colaboración: de Ambrosio, M., Massarani, L., Correa, P., Elizondo Lucci, C., Leighton, P., Rodríguez, E., Portillo, Z., Hirschfeld, D. 2020. Cómo se prepara América Latina ante amenaza de coronavirus. Publicado el 24/01/20.

WSAVA - Comitês Científico e da Saúde Única. 2020. Documento Informativo: O Novo Coronavírus e Animais de Companhia – Informação para os Membros da WSAVA.

Wu, F., Zhao, S., Yu, B. y col. 2020. Un nuevo coronavirus asociado con la enfermedad respiratoria humana en China. *Naturaleza*. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2008-3#citeas>

Zhang, T., Wu, Q. y Zhang, Z. 2020. Pangolin homology associated with 2019-nCoV. Preprint en bioRxiv <https://doi.org/10.1101/2020.02.19.950253>

Zhou, P., Yang, X., Wang, X. y col. 2020. Un brote de neumonía asociado con un nuevo coronavirus de probable origen de murciélago. *Naturaleza*. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7>