

CORONAVIRUS EMERGENTES EN PRIMATES NEOTROPICALES: ¿UNA NUEVA AMENAZA?

Victor Yunes Guimarães^{1,2*}, André Augusto Justo³, Leandro Luís Martins⁴, José Luiz Catão-Dias², Carlos Sacristán²

¹Programa de Pós-Graduação em Animais Selvagens, Laboratório Clínico Veterinário (LCV) Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, SP, Brasil.

²Laboratório de Patologia Comparada de Animais Selvagens (LAPCOM), Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil.

³Departamento de Cirurgia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil.

⁴Departamento de Anatomia, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, PR, Brasil.

*Autor correspondente: Rua Prof. R. Dr. Valter Maurício Corrêa, s/n, Botucatu - SP, 18618-681, E-mail: medvetyunes@gmail.com

DOI: 10.4025/rcvsp.v7i1.55490

RESUMEN

Las actividades antropogénicas son la causa principal del alarmante estado de conservación de los primates no humanos (PNH) a nivel mundial. Además, los hábitats compartidos entre el ser humano y estas especies facilitan la transmisión interespecífica de diferentes virus. El coronavirus del síndrome respiratorio agudo grave 2 (SARS-CoV-2), responsable por la pandemia en curso de la COVID-19, causa enfermedad respiratoria grave, y se caracteriza por la gran plasticidad de su genoma y la alta adaptación de sus proteínas S (“spike”) a los receptores humanos de la enzima convertidora de angiotensina-2 (ACE-2). Los PNH han sido utilizados como modelos para la comprensión de los aspectos clínicos, diagnósticos y terapéuticos del SARS-CoV-2 y sus correlatos. Sin embargo, la ausencia de vigilancia sanitaria sistemática destinada a los PNH neotropicales, junto con la limitada capacidad de detección de las infecciones en sus poblaciones, torna complejo establecer conexiones epidemiológicas consistentes sobre la posible transmisión del SARS-CoV-2 en el medio natural. Pese a que la transmisión natural cruzada del SARS-CoV-2 entre el hombre y los PNH no ha sido aún demostrada, la amplia diseminación global del virus constituye un peligro inminente para los PNH y refuerza la necesidad de establecer medidas preventivas, de vigilancia y de control de los virus de la familia *Coronaviridae* en las poblaciones de PNH neotropicales para garantizar su conservación.

Palabras claves: conservación, COVID-19, enfermedades infecciosas emergentes, primates del Nuevo Mundo, SARS-CoV-2.

INTRODUCCIÓN

Los primates no humanos (PNH) se encuentran distribuidos por 90 países de África, Asia y América. Dos tercios de toda la riqueza de especies está en Brasil, Madagascar, Indonesia y en la República Democrática del Congo, en escala decreciente de abundancia (ESTRADA et al., 2018). Los PNH son un elemento imprescindible para la regeneración de las selvas tropicales, desempeñando un papel insustituible como dispersores de semillas (CHAPMAN et al., 2013), contribuyendo así a la retención de carbono y la mitigación indirecta del calentamiento global (PERES et al., 2016). Además, forman parte de la cultura de los pueblos nativos y constituyen una fuente de alimento para ellos (CORMIER, 2006).

Estudios recientes, como el realizado por Estrada et al. (2017), han demostrado que el 75% de las especies de PNH presenta tendencias de declive poblacional y el 36% de PNH neotropicales (conocidos también como primates del Nuevo Mundo, infraorden Platyrrhini) se encuadra en alguna de las categorías de amenaza de la IUCN (*International Union for Conservation of Nature*). Los datos actuales indican que seis de las 25 especies de PNH en peligro inminente de extinción pertenecen al Nuevo Mundo, principalmente debido a la fragmentación de las selvas tropicales americanas (SCHWITZER et al., 2019). La transformación de las selvas para la producción de monocultivos y pastos de ganadería es el principal factor que contribuye a la pérdida del hábitat de los PNH (TILMAN y CLARK, 2014; ESTRADA et al., 2017). En caso de que continúe el ritmo acelerado de expansión de la agricultura, se prevé la degradación de la mayor parte del hábitat de los PNH a finales de este siglo, como en el caso de Brasil, donde podría ser de aproximadamente el 78% de su territorio (ESTRADA et al., 2018).

En este contexto, los PNH se ven obligados a habitar fragmentos de bosque próximos a áreas ocupadas por el ser humano, que resultan inviables para mantener a la mayoría de especies a largo plazo (ESTRADA et al., 2012). Como consecuencia, los accidentes por atropello o electrocución, la depredación por perros, los conflictos con zonas de cultivo y las capturas para ser utilizados como mascotas son amenazas crecientes para las especies de PNH que habitan estas zonas (JERUSALINSKY et al., 2017). La interacción ser humano – PNH se da, además, por el comercio clandestino (SHANEE et al., 2017; NORCONK et al., 2019), y también por la caza, que afecta al 35% de los PNH de Brasil (IUCN, 2020). Es importante también el consumo de monos del Viejo Mundo como alimento en el sudeste asiático y en algunos países africanos (DEVAUX et al., 2019; KAZABA, 2019; FUASHI et al., 2019).

El hecho de compartir hábitats, recursos y patógenos, ya preexistentes o adquiridos, facilita la emergencia de zoonosis (SMITH et al., 2012). Desde el punto de vista epidemiológico, la transferencia de patógenos entre los animales salvajes y los seres humanos se considera más preocupante que entre animales domésticos y humanos (DEVAUX et al., 2019), quizá porque la convivencia milenaria de los humanos con los animales domésticos permitió que los patógenos de estas especies se adaptaran previamente a los hombres. Por eso, las epidemias a gran escala enfrentadas por la humanidad en las últimas décadas tienen como origen la fauna salvaje, como en el caso de las causadas por el virus del ébola, el de la inmunodeficiencia humana (HIV), el coronavirus del síndrome respiratorio agudo grave 1 (SARS-CoV-1, del inglés “severe acute respiratory syndrome coronavirus 1”), el coronavirus relacionado con el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV), y más recientemente, el coronavirus del síndrome respiratorio agudo grave 1 (SARS-CoV-2) (AFELT et al., 2018; YE et al., 2020).

Cuando los patógenos exóticos se introducen en una población la convierten en potencialmente vulnerable, hecho conocido como “polución patógena” (DASZAK et al., 2000). La transmisión interespecífica de agentes infecciosos generalmente se manifiesta bajo la forma de brotes (LONGA et al., 2011). Además, en el caso de los PNH, la proximidad filogenética que presentan con los seres humanos favorece la transmisión cruzada de agentes infecciosos, representando una amenaza adicional (COOPER y NUNN, 2013). También debemos considerar que, a diferencia de la mayoría de especies de mamíferos, los PNH son sociales y forman grupos complejos y heterogéneos, hecho que amplía exponencialmente la propagación de enfermedades intraespecífica (CAPITANIO, 2012). Entre las enfermedades compartidas entre humanos y PNH podemos destacar la fiebre amarilla, cuyo brote en PNH del sudeste brasileño registrado entre 2016 y 2018 ocurrió por la introducción del virus procedente del ser humano, que mantuvo la infección en el ambiente urbano a través del vector *Aedes aegypti* (DEVAUX et al., 2019). Una vez instalada en el medio silvestre, la enfermedad diezmó a los individuos del género *Alouatta*, además de a otras especies críticamente amenazadas de la Mata

Atlántica (POSSAS et al., 2018). Además, las especies de PNH neotropicales pueden sufrir infección natural por otros agentes infecciosos que tienen a los seres humanos como reservorio u hospedador principal, como es el caso del virus Zika (TERZIAN et al., 2018), el alfaherpesvirus humano 1 (CASAGRANDE et al., 2014), el morbilivirus del sarampión (LOWENSTINE, 1993) y *Mycobacterium tuberculosis* (ROCHA et al., 2011; ROSENBAUM et al., 2015).

Dentro de los microorganismos con potencial susceptibilidad cruzada se encuentra el SARS-CoV-1, que causó enfermedad en PNH del Viejo Mundo después de ser inoculado experimentalmente (ROWE et al., 2004; SMITS et al., 2010; 2011). Un virus próximo filogenéticamente, el SARS-CoV-2, fue documentado por primera vez en la ciudad china de Wuhan, en diciembre de 2019, siendo responsable de la pandemia en curso del COVID-19. Esta es la segunda pandemia registrada en este siglo, precedida por la pandemia de gripe H1N1 de 2009 (CHAN, 2009; GHEBREYESUS, 2020). Sin embargo, al contrario que el H1N1, la COVID-19 está provocando un impacto sanitario y socioeconómico sin precedentes (UNITED NATIONS, 2020). El número reproductivo básico (R_0) estimado de la COVID-19 varía de 2,24 a 3,58 (ZHAO et al., 2020), presentando por lo tanto, una transmisibilidad moderada. La enfermedad se caracteriza por lesiones respiratorias de leves a graves, caracterizadas por neumonía, entre otros procesos (PETROSILLO et al., 2020). Hasta el 18 de junio de 2020, 445.535 personas murieron como consecuencia de la COVID-19 (WHO, 2020a).

Los coronavirus (CoV, orden *Nidovirales*, familia *Coronaviridae*, subfamilia *Orthocoronavirinae*) son virus ARN de cadena única y sentido positivo, con cerca de 120 a 160 nm de diámetro, y están divididos en los géneros *Alfa*, *Beta*, *Gama* y *Deltacoronavirus* (ICTV, 2020). Dichos virus recibieron su nombre debido a sus envolturas recubiertas de espículas, similares a las coronas solares (ICTV, 2020). La familia *Coronaviridae* infecta a mamíferos y aves, y está asociada principalmente a enfermedades respiratorias y gastrointestinales (MASTERS y PERLMAN, 2013). Las primeras descripciones de CoVs tuvieron lugar en la década de 1930, en gallinas con bronquitis; en las décadas siguientes se describieron también en cerdos con gastroenteritis transmisible y ratones con hepatitis y enfermedad neurológica (MCINTOSH, 1974; MASTERS y PERLMAN, 2013). No obstante, transcurrieron treinta años desde que se describieron en aves hasta que se documentó la infección por otros coronavirus en humanos (coronavirus humano 229E [HCoV-229E] y coronavirus humano OC43 [HCoV-OC43]) (KAHN y MCINTOSH, 2005). Los restantes coronavirus humanos se descubrieron en el siglo XXI, específicamente en 2002-2003 (SARS-CoV-1), 2004 (coronavirus humano NL-63, HCoV-NL63), 2005 (coronavirus humano HKU1, HCoV-HKU1), 2012 (MERS-CoV) y 2019 (SARS-CoV-2) (VAN DER HOEK et al., 2004; WOO et al., 2005; SMITH et al., 2006; GRAHAM et al., 2013; GORBALENYA et al., 2020).

Los coronavirus humanos están clasificados en los géneros *Alfacoronavirus* (HCoV-229E y HCoV-NL63) o *Betacoronavirus* (HCoV-HKU1, HCoV-OC43, MERS-CoV, SARS-CoV-1 y SARS-CoV-2) (GORBALENYA et al., 2020; ICTV, 2020). Los cuatro primeros presentan baja patogenicidad, causando generalmente enfermedades leves de las vías respiratorias superiores o inferiores, como el resfriado común (CORMAN et al., 2018). Por el contrario, el SARS-CoV-1, el MERS-CoV y el SARS-CoV-2 están asociados a enfermedades respiratorias graves, designadas como síndrome respiratorio agudo grave (SARS), síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS) y enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) (PETROSILLO et al., 2020).

Es probable que los murciélagos sean el origen de los *Alfa* y *Betacoronavirus* (WOO et al., 2012), incluyendo aquellos que infectan seres humanos, siendo por ello considerados de origen zoonótico (FORNI et al., 2017; ANDERSEN et al., 2020). La transmisión del coronavirus se produce generalmente por vía aerógena, mediante gotículas de saliva y secreciones nasales, y raramente ocurre mediante el contacto con superficies contaminadas

(CONTINI et al., 2020). Algunos coronavirus necesitan adaptarse previamente a un hospedador intermedio antes de la diseminación a los seres humanos, como las civetas enmascaradas de las palmeras (*Paguma larvata*) en el caso del SARS-CoV-1 y los dromedarios (*Camelus dromedarius*) para el MERS-CoV (AZHAR et al., 2014; CUI et al., 2018). Lo mismo se ha propuesto en relación al SARS-CoV-2, aunque la especie intermedia aún sea desconocida. Sin embargo, es importante resaltar que existe la hipótesis de una posible adaptación anterior del virus a los seres humanos (ANDERSEN et al., 2020). Entre los factores que pueden haber promovido los cambios y la aparición de hospedadores de coronavirus debemos considerar la gran plasticidad de sus genomas y la alta adaptabilidad de las proteínas de su espícula (“spike”, proteínas S) (FORNI et al., 2017). Las proteínas S son críticas para la infección viral (fijación y entrada) y posterior patogénesis, dirigiendo la entrada del virus en las células hospedadoras (SONG et al., 2019). En el caso del coronavirus humano NL63, del SARS-CoV-1 y del SARS-CoV-2, dichas proteínas se unen predominantemente al receptor celular de la enzima convertidora de la angiotensina-2 (ACE-2) (SONG et al., 2019; HOFFMANN et al., 2020; ICTV, 2020). Además de ser un regulador esencial de la función cardíaca (CRACKOWER et al., 2002), ese receptor se expresa en los neumocitos profundos pulmonares humanos, desempeñando un papel importante en la patogénesis y la epidemiología del SARS (MÜLLER et al., 2012).

La molécula CD13 también actúa como receptor para coronavirus en los felinos y los suinos, así como para el HCoV-229E humano (DELMAS et al., 1994). Aunque es funcionalmente similar a la ACE-2, el receptor CD13 presenta bastantes divergencias morfológicas, lo que da a entender que algunas propiedades de esta clase de proteasas contribuyen a la replicación vírica (LI et al., 2003). A día de hoy se sospecha que en las células humanas que expresan poca concentración de ACE-2, otros receptores podrían intermediar en la entrada de SARS-CoV-2, como el CD147, por ejemplo, presente en la superficie de los linfocitos T (WANG et al., 2020).

Los trabajos con experimentación en PNH sobre el SARS-COV-2 son incipientes, pero podemos utilizar un abordaje comparativo con otros coronavirus altamente patogénicos. En el caso del SARS-CoV-1, los descubrimientos que hoy auxilian los abordajes clínicos, diagnósticos y terapéuticos para combatirlo de forma efectiva proceden de los estudios con modelos animales, esencialmente PNH (CORTI et al., 2015). Como ya han demostrado diferentes grupos de investigación, el SARS-CoV-1 se replica con altas cargas en el tracto respiratorio de una variedad sorprendentemente amplia de especies animales, aunque con diferencias notables en relación al tropismo celular (HAAGMANS y OSTERHAUS, 2006; LAWLER et al., 2006; CHEN et al., 2011; VERGARA-ALERT et al., 2017). No existe un modelo animal ideal único para el SARS-CoV-1, por eso la combinación de los datos obtenidos en diferentes protocolos experimentales nos puede ayudar a dilucidar por qué el SARS-CoV-1 tuvo efectos devastadores en algunos seres humanos (SUBBARAO y ROBERTS, 2006; SUTTON y SUBBARAO, 2015).

El postulado de Koch para el SARS-CoV-1 fue determinado en macaco cangrejero (*Macaca fascicularis*), una especie de primate del Viejo Mundo (FOUCHIER et al., 2003). El virus fue inoculado y aislado en el tejido pulmonar, cuantificándose posteriormente por RT-PCR a tiempo real; además, en los individuos con lesiones pulmonares macroscópicas se observó daño alveolar difuso, caracterizado por necrosis de los epitelios alveolar y bronquiolar, asociados con infiltrado alveolar compuesto por material proteináceo, fibrina, eritrocitos, macrófagos alveolares y neutrófilos. El establecimiento de este modelo impulsó los estudios sobre dicho virus utilizando cultivo celular *in vitro*, utilizando células humanas o de PNH, así como la inoculación en PNH vivos (McAULIFFE et al., 2004; ROWE et al., 2004; NAGATA et al., 2007; MÜLLER et al., 2012).

En las últimas dos décadas, los estudios sobre la patogénesis del SARS-CoV-1, principalmente aquellos con énfasis en los aspectos inmunológicos, se han desarrollado mayoritariamente con especies de PNH del infraorden Catarrhini (DEVAUX et al., 2019). En el caso del MERS-CoV, los macacos rhesus (*Macaca mulatta*), también catarrinos, han sido utilizados como modelos (MUNSTER et al., 2013), pudiendo observar que tratamientos con ribavirina e interferon- α 2b (INF) reducen la replicación viral en estos animales, moderan la respuesta del hospedador (reducción de los niveles de IL-6 e INF- γ) y mejoran el resultado clínico (FALZARANO et al., 2013). En macacos rhesus también ha sido posible verificar la eficacia de un anticuerpo monoclonal anti-MERS-CoV humano, el 3B11-N, y del anticuerpo anti-HIV E410-N, ambos capaces de reducir de forma significativa el compromiso pulmonar inducido por el MERS-CoV (JOHNSON et al., 2016).

Los ensayos con coronavirus utilizando PNH neotropicales aún son incipientes, pero en los últimos años los tíes de pinceles negros y de pinceles blancos (*Callithrix penicillata* y *C. jacchus*) parecen haber ganado una mayor relevancia como modelos (CARRION y PATTERSON, 2012). El hecho de que los calitriquidos alcancen la madurez sexual aproximadamente a los 18 meses, produzcan descendientes con apenas tres años de edad y presenten una susceptibilidad a agentes infecciosos y un repertorio inmunológico similares a los de los humanos, los convierte en un modelo adecuado para la investigación científica (ABBOTT et al., 2003). Actualmente los tíes están siendo utilizados en investigaciones sobre MERS-CoV utilizando anticuerpos monoclonales neutralizantes (LCA60, m336) (DE WIT, et al., 2018; DE WIT, et al., 2019) y estudiando la inmunidad pasiva (VAN DOREMALEN et al., 2017).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) y el Consorcio Internacional de Infecciones Emergentes e Infecciones Respiratorias Agudas y Graves (ISARIC, por sus siglas en inglés) han identificado el plasma de pacientes convalecientes como un tratamiento potencial para reducir las consecuencias clínicas de la infección por MERS-CoV (WHO, 2020b). Un meta-análisis reciente de los estudios que usan inmunoterapia pasiva para el tratamiento de infecciones respiratorias agudas graves de etiología viral sugiere que el uso oportuno de productos sanguíneos de pacientes convalecientes, particularmente aquellos con anticuerpos neutralizantes, consigue reducir la tasa de mortalidad (MAIR-JENKINS et al., 2015). Uno de los grandes desafíos es detectar donantes potenciales, que idealmente deben ser pacientes recuperados de cuadros graves de la infección vírica y que presenten una cantidad razonable de anticuerpos neutralizantes (ARABI et al., 2016). El tí de pinceles blancos es la especie neotropical utilizada de forma preferente en el protocolo para evaluar la viabilidad de este tratamiento, como en el caso de la combinación de plasma hiperinmune y de m336 pueden, que consiguieron, respectivamente, disminuir la carga viral y reducir los síntomas pulmonares graves en los animales infectados por MERS-CoV (VAN DOREMALEN et al., 2017). Como hemos mencionado a lo largo del texto, los PNH, entre ellos los neotropicales, han sido utilizados para el estudio de los infecciones por los coronavirus emergentes SARS-CoV-1 y MERS-CoV. Sin embargo, aún no existe información publicada de calidad sobre el uso de PNH neotropicales para el estudio del SARS-CoV-2.

CONCLUSIÓN

Dados los desafíos monumentales y los costes socioeconómicos hasta ahora causados por el SARS-CoV-2, es crucial investigar de forma inmediata la epidemiología y patogenia de este virus emergente en PNH neotropicales para comprender las posibles pérdidas de biodiversidad en caso de que se produzca la transmisión del SARS-CoV-2 a ese grupo. Hasta el momento no existe evidencia sobre la transmisión cruzada de SARS-CoV-2 entre el hombre y los PNH neotropicales; no obstante, debido a la estrecha similaridad filogenética e

inmunológica entre los PNH neotropicales y los humanos, la existencia de hábitats compartidos y la rápida diseminación del SARS-CoV-2, esta posibilidad debe ser considerada. La ausencia de vigilancia sanitaria sistemática en PNH neotropicales, asociada a la limitada capacidad de detección de la infección por SARS-CoV-2, dificulta el establecimiento de conexiones epidemiológicas consistentes en caso de que se produzca la transmisión interespecífica, por lo que es urgente establecer medidas preventivas y de control para proteger a las poblaciones salvajes de PNH, así como implantar y/o fortalecer los programas de vigilancia en epizootias. Por último, debe evaluarse el uso potencial de los PNH neotropicales para la investigación sobre SARS-CoV-2 y la COVID-19.

REFERENCIAS

- ABBOTT, D.H.; BARNETT, D.K.; COLMAN, R.J.; YAMAMOTO, M.E.; SCHULTZ-DARKEN, N.J. Aspects of common marmoset basic biology and life history important for biomedical research. **Comparative Medicine**, v.53, p.339–350, 2003.
- AFELT, A.; DEVAUX, C.; SERRA-COBO, J.; FRUTOS, R. Bats, Bat-Borne Viruses, and Environmental Changes. **Bats**, 2018. <DOI: 10.5772/intechopen.74377>.
- ANDERSEN, K.G.; RAMBAUT, A.; LIPKIN, W.I.; HOLMES, E.C.; GARRY, R.F. The proximal origin of SARS-CoV-2. **Nature medicine**, v.26, p.450-452, 2020. <DOI: 10.1038/s41591-020-0820-9>.
- ARABI, Y.M.; HAJEER, A.H.; LUKE, T.; RAVIPRAKASH, K.; BALKHY, H.; JOHANI, S.; AL-DAWOOD, A.; AL-QAHTANI, S.; AL-OMARI, A.; AL-HAMEED, F.; HAYDEN, F.G.; FOWLER, R.; BOUCHAMA, A.; SHINDO, N.; AL-KHAIRY, K.; CARSON, G.; TAHA, Y.; SADAT, M.; ALAHMADI, M. Feasibility of using convalescent plasma immunotherapy for MERS-CoV infection, Saudi Arabia. **Emerging Infectious Diseases**, v.22, p.1554–1561, 2016. <DOI: 10.3201/eid2209.151164>.
- AZHAR, E.I.; EL-KAFRAWY, S.A.; FARRAJ, S.A.; HASSAN, A.M.; AL-SAEED, M.S.; HASHEM, A.M.; MADANI, T.A. Evidence for camel-to-human transmission of MERS coronavirus. **New England Journal Medicine**, v.370, p.2499–2505, 2014. <10.1056/NEJMoa1401505>.
- CAPITANIO, J.P. Social Processes and Disease in Nonhuman Primates: Introduction to the Special Section. **American Journal of Primatology**, v.74, p.491–496, 2012. <DOI: 10.1016/j.gde.2016.03.011>.
- CARRION, R.; PATTERSON, J.L. An animal model that reflects human disease: The common marmoset (*Callithrix jacchus*). **Current Opinion in Virology**, v.2, p.357–362, 2012. <DOI: 10.1016/j.coviro.2012.02.007>.
- CASAGRANDE, R.A.; PANNUTI, C.S.; KANAMURA, C.; FREIRE, W.S.; GRESPAN, A.; MATUSHIMA, E.R. Fatal Human herpesvirus 1 (HHV-1) infection in captive marmosets (*Callithrix jacchus* and *Callithrix penicillata*) in Brazil: Clinical and pathological characterization. **Pesquisa Veterinaria Brasileira**, v.34, p.1109–1114, 2014. <DOI: 10.1590/S0100-736X2014001100013>.
- CHAN, M. “World now at start of 2009 influenza pandemic: Statement to the press by WHO director-general,” 11 June 2009. 2009. Disponible en: <www.who.int/mediacentre/news/statements/2009/h1n1_pandemic_phase6_20090611/en/>. Acceso en: 28 May. 2020.

CHAPMAN, C.A.; BONNELL, T.R.; OMEJA, P.A.; TWINOMUGISHA, D. Are Primates Ecosystem Engineers? **International Journal of Primatology**, v.34, p.1–14, 2013. <DOI: 10.1007/s10764-012-9645-9>.

CHEN, E.C.; YAGI, S.; KELLY, K.R.; MENDOZA, S.P.; MANINGER, N.; ROSENTHAL, A.; SPINNER, A.; BALES, K.L.; SCHNURR, D.P.; LERCHE, N.W.; CHIU, C.Y. Cross-species transmission of a novel adenovirus associated with a fulminant pneumonia outbreak in a new world monkey colony. **PLoS Pathogens**, v.7, 2011. <DOI: 10.1371/journal.ppat.1002155>.

CONTINI, C.; DI NUZZO, M.; BARP, N.; BONAZZA, A.; DE GIORGIO, R.; TOGNON, M.; RUBINO, S. The novel zoonotic COVID-19 pandemic: An expected global health concern. **The Journal of Infection in Developing Countries**, v.14, p.254–264, 2020. <DOI: 10.3855/jidc.12671>.

COOPER, N.; NUNN, C.L. Identifying future zoonotic disease threats Where are the gaps in our understanding of primate infectious. **Evolution, Medicine, and Public Health**, p.27–36, 2013. <DOI: 10.1093/emph/eot001>.

CORMAN, V.M.; MUTH, D.; NIEMEYER, D.; DROSTEN, C. Hosts and sources of endemic human coronaviruses. **Advances in Virus Research**, v.100, p. 163–188, 2018.

CORMIER, L. A Preliminary Review of Neotropical Primates in the Subsistence and Symbolism of Indigenous Lowland South American Peoples. **Ecological and Environmental Anthropology**, v.2, p.14–32, 2006.

CORTI, D.; ZHAO, J.; PEDOTTI, M.; SIMONELLI, L.; AGNIHOTHRAM, S.; FETT, C.; FERNANDEZ-RODRIGUEZ,

B.; FOGLIERINI, M.; AGATIC, G.; VANZETTA, F.; GOPAL, R.; LANGRISH, C.J.; BARRETT, N.A.; SALLUSTO, F.; BARIC, R.S.; VARANI, L.; ZAMBON, M.; PERLMAN, S.; LANZAVECCHIA, A. Prophylactic and postexposure efficacy of a potent human monoclonal antibody against MERS coronavirus. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.112, p.10473–10478, 2015. <DOI: 10.1073/pnas.1510199112>.

CRACKOWER, M.A.; SARAO, R.; OLIVEIRA-DOS-SANTOS, A.J.; DA COSTA, J.; ZHANG, L. Angiotensin-converting enzyme 2 is an essential regulator of heart function. **Nature**, v.417, p.822–828, 2002. <DOI: 10.1038/nature00786>.

CUI, J.; LI, F.; SHI, Z. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. **Nature Reviews Microbiology**, v.17, p.181–192, 2019. <DOI: 10.1038/s41579-018-0118-9>.

DASZAK, P.; CUNNINGHAM, A.A.; HYATT, A.D. Emerging infectious diseases of wildlife - Threats to biodiversity and human health. **Science**, v.287, p.443–449, 2000. <DOI: 10.1126/science.287.5452.443>.

DE WIT, E.; FELDMANN, F.; HORNE, E.; OKUMURA, A.; CAMERONI, E.; HADDOCK, E.; SATURDAY, G.; SCOTT, D.; GOPAL, R.; ZAMBON, M.; CORTI, D.; FELDMANN, H. Prophylactic efficacy of a human monoclonal antibody against MERS-CoV in the common marmoset. **Antiviral Research**, v.163, p.70–74, 2019. <DOI: 10.1016/j.antiviral.2019.01.016>.

DE WIT, E.; FELDMANN, F.; OKUMURA, A.; HORNE, E.; HADDOCK, E.; SATURDAY, G.; SCOTT, D.; ERLANDSON, K.J.; STAHL, N.; LIPSICH, L.; KYRATSOUS, C.A;

FELDMANN, H. Prophylactic and therapeutic efficacy of mAb treatment against MERS-CoV in common marmosets. **Antiviral Research**, v.156, p.64–71, 2018. <DOI: 10.1016/j.antiviral.2018.06.006>.

DELMAS, B.; GELFI, J.; KUT, E.; SJÖSTRÖM, H.; NOREN, O.; LAUDE, H. Determinants essential for the transmissible gastroenteritis virus-receptor interaction reside within a domain of aminopeptidase-N that is distinct from the enzymatic site. **Journal of Virology**, v.68, p.5216–5224, 1994. <DOI: 10.1128/jvi.68.8.5216-5224.1994>.

DEVAUX, C.A.; MEDIANNIKOV, O.; MEDKOUR, H.; RAOULT, D. Infectious Disease Risk Across the Growing Human-Non Human Primate Interface: A Review of the Evidence. **Frontiers in Public Health**, v.7, p.1–22, 2019. <DOI: 10.3389/fpubh.2019.00305>.

ESTRADA, A.; GARBER, P.A.; MITTERMEIER, R.A.; WICH, S.; GOUVEIA, S.; DOBROVOLSKI, R.; NEKARIS, K.A.I.; NIJMAN, V.; RYLANDS, A.B.; MAISELS, F.; WILLIAMSON, E.A.; BICCA-MARQUES, J.; FUENTES, A.; JERUSALINSKY, L.; JOHNSON, S.; DE MELO, F.R.; OLIVEIRA, L.; SCHWITZER, C.; ROOS, C.; CHEYNE, S.M.; KIERULFF, M.C.M.; RAHARIVOLOLONA, B.; TALEBI, M.; RATSIMBAZAFY, J.; SUPRIATNA, J.; BOONRATANA, R.; WEDANA, M.; SETIAWAN, A. Primates in peril: The significance of Brazil, Madagascar, Indonesia and the Democratic Republic of the Congo for global primate conservation. **PeerJ**, v.2018, p.1–57, 2018. <DOI: 10.7717/peerj.4869>.

ESTRADA, A.; GARBER, P.A.; RYLANDS, A.B.; ROOS, C.; FERNANDEZ-DUQUE, E.; DI FIORE, A.; NEKARIS, K.A.; NIJMAN, V.

HEYMANN, E.W.; LAMBERT, J.E.; ROVERO, F.; BARELLI, C.; BAOGUO, L. Impending extinction crisis of the world's primates: Why primates matter. **Science Advances**, v.3, p.e1600946, 2017. <DOI: 10.1126/sciadv.1600946>.

ESTRADA, A.; RABOY, B.E.; OLIVEIRA, L.C. Agroecosystems and Primate Conservation in the Tropics: A Review. **American Journal of Primatology**, v.74, p.696–711, 2012. <DOI: 10.1002/ajp.22033>.

FALZARANO, D.; WIT, E. DE; RASMUSSEN, A.L.; FELDMANN, F.; OKUMURA, A.; SCOTT, D.P.; BRINING, D.; BUSHMAKER, T.; MARTELLARO, C.; BASELER, L.; BENECKE, A.G.; KATZE, M.G.; MUNSTER, V.J.; FELDMANN, H. Treatment with interferon- α 2b and ribavirin improves outcome in MERS-CoV-infected rhesus macaques. **Nature Medicine**, v.19, p.1313–1317, 2013. <DOI: 10.1038/nm.3362>.

FORNI, D.; CAGLIANI, R.; CLERICI, M.; SIRONI, M. Molecular evolution of human coronavirus genomes. **Trends in Microbiology**, v.25, p.35–48, 2017. <10.1016/j.tim.2016.09.001>.

FOUCHIER, R.A.M.; KUIKEN, T.; SCHUTTEN, M.; VAN AMERONGEN, G.; VAN DOORNUM, G.J.J.; VAN DEN HOOGEN, B.G.; PEIRIS, M.; LIM, W.; STÖHR, K.; OSTERHAUS, A.D.M.E. Koch's postulates fulfilled for SARS virus. **Nature**, v.423, p.240, 2003. <DOI: 10.1038/423240a>.

FUASHI, N.A.; EKANE, M.M.; JACQUELINE, E.; ZEH, F.A. An evaluation of poaching and bushmeat off takes in the Ebo Forest Reserve (EFR), Littoral Region, Cameroon. **Journal of Ecology and The Natural Environment**, v.11, p.14–25, 2019. <DOI: 0.5897/JENE2018.0711>.

- GHEBREYESUS, T.A.; SWAMINATHAN, S. Scientists are sprinting to outpace the novel coronavirus. **The Lancet**, v.395, p.762–764, 2020. <DOI: 10.1016/S0140-6736(20)30420-7>.
- GORBALENYA, A.E.; BAKER, S.C.; BARIC, R.S. The species *Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus*: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. **Nature Microbiology**, v.5, p.536–544, 2020. <DOI: 10.1038/s41564-020-0695-z>.
- GRAHAM, R.L.; DONALDSON, E.F.; BARIC, R.S. A decade after SARS: Strategies for controlling emerging coronaviruses. **Nature Reviews Microbiology**, v.11, p.836–848, 2013. <DOI: 10.1038/nrmicro3143>.
- HAAGMANS, B.L.; OSTERHAUS, A.D.M.E. Nonhuman primate models for SARS. **PLoS Medicine**, v.3, p.598–599, 2006. <DOI: 10.1371/journal.pmed.0030194>.
- HOFFMANN, M.; KLEINE-WEBER, H.; SCHROEDER, S.; KRUGER, N.; HERRLER, T.; ERICHSEN, S.; SCHIERGENS, T.S.; HERRLER, G.; WU, N.H.; NITSCHKE, A.; MULLER, M.A.; DROSTEN, C.; POHLMANN, S. SARS-CoV-2 Cell Entry Depends on ACE2 and TMPRSS2 and Is Blocked by a Clinically Proven Protease Inhibitor. **Cell**, v.181, p. 271–280, 2020.
- ICTV (The International Committee on Taxonomy of Viruses). **Virus Taxonomy: 2019 Release EC 51, Berlin, Germany, July 2019**. Email ratification March 2020 (MSL #35). 2020. Disponible en: <https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_9th_report/positive-sense-rna-viruses-2011/w/posrna_viruses/222/coronaviridae>. Acceso en: 30 May. 2020.
- JERUSALINSKY, L.; AZEVEDO, R.B. DE; GORDO, M. **Plano de ação nacional para a conservação do Sauim-de-coleira**. Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, Icmbio, 2017. 207p.
- JOHNSON, R.F.; BAGCI, U.; KEITH, L.; TANG, X.; MOLLURA, D.J.; ZEITLIN, L.; QIN, J.; HUZELLA, L.; BARTOS, C.J.; BOHOROVA, N.; BOHOROV, O.; GOODMAN, C.; KIM, D.H.; PAULTY, M.H.; VELASCO, J.; WHALEY, K.J.; JOHNSON, J.C.; PETTITT, J.; ORK, B.L.; SOLOMON, J.; OBERLANDER, N.; ZHU, Q.; SUN, J.; HOLBROOK, M.R.; OLINGER, G.G.; BARIC, R.S.; HENSLEY, L.E.; JAHRLING, P.B.; MARASCO, W.A. 3B11-N, a monoclonal antibody against MERS-CoV, reduces lung pathology in rhesus monkeys following intratracheal inoculation of MERS-CoV Jordan-n3/2012. **Virology**, v.490, p.49–58, 2016. <DOI: 10.1016/j.virol.2016.01.004>.
- KAHN, J.S.; MCINTOSH, K. History and recent advances in coronavirus discovery. **The Pediatric Infectious Disease Journal**, v.24, p.S223–S227, 2005. <DOI: 10.1097/01.inf.0000188166.17324.60>.
- KAZABA, P.K. “Non-protected” primates as bushmeat, pets and pests in southeastern Democratic Republic of Congo. **Journal of Threatened Taxa**, v.11, p.13251–13260, 2019. <DOI: 10.11609/jott.4669.11.3.13251-13260>.
- LAWLER, J.V.; ENDY, T.P.; HENSLEY, L.E.; GARRISON, A.; FRITZ, E.A.; LESAR, M.; BARIC, R.S.; KULESH, D.A.; NORWOOD, D.A.; WASIELOSKI, L.P.; ULRICH, M.P.; SLEZAK, T.R.; VITALIS, E.; HUGGINS, J.W.; JAHRLING, P.B.; PARAGAS, J. Cynomolgus macaque as an animal model for severe acute respiratory syndrome. **PLoS Medicine**, v.3, p.677–686, 2006. <DOI: 10.1371/journal.pmed.0030149>.

LI, W.; MOORE, M.J.; VASILIEVA, N.; SUI, J.; WONG, S.K.; BERNE, M.A.; SOMASUNDARAN, M.; SULLIVAN, J.L.; LUZURIAGA, K.; GREENOUGH, T.C.; CHOE, H.; FARZAN, M. Angiotensin-converting enzyme 2: A functional receptor for SARS coronavirus. **Nature**, v.426, p.450–454, 2003. <DOI: 10.1007/s00018-004-4242-5>.

LONGA, C.S.; BRUNO, S.F.; PIRES, A.R.; ROMIJN, P.C.; KIMURA, L.S.; COSTA, C.H. Human Herpesvirus 1 in Wild Marmosets, Brazil, 2008. **Emerging Infectious Diseases**, v.17, p.1308–1309, 2011. <DOI: 10.1159/000312919>.

LOWENSTINE, L.J. Measles Virus Infection, Nonhuman Primates. Em: JONES, T.C.; MOHR, U.; HUNT, R.D. **Nonhuman Primates I**. 1.ed. Washington: Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 1993. v.1, p.108–118. <DOI: 10.1111/j.1365-2869.2005.00452.x>.

MAIR-JENKINS, J.; SAAVEDRA-CAMPOS, M.; BAILLIE, J.K.; CLEARY, P.; KHAW, F.M.; LIM, W.S.; MAKKI, S.; ROONEY, K.D.; NGUYEN-VAN-TAM, J.S.; BECK, C.R. The effectiveness of convalescent plasma and hyperimmune immunoglobulin for the treatment of severe acute respiratory infections of viral etiology: A systematic review and exploratory meta-analysis. **Journal of Infectious Diseases**, v.211, p.80–90, 2015. <DOI: 10.1093/infdis/jiu396>.

MASTERS, P.S.; PERLMAN, S. Coronaviridae. Em: Knipe, D.M.; Howley, P. **Fields Virology**. 6.ed. Philadelphia: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins, 2013. p.825-858.

MCAULIFFE, J.; VOGEL, L.; ROBERTS, A.; FAHLE, G.; FISCHER, S.; SHIEH, W.J.; BUTLER, E.; ZAKI, S.; CLAIRE, M. ST.; MURPHY, B.; SUBBARAO, K. Replication of SARS coronavirus

administered into the respiratory tract of African Green, rhesus and cynomolgus monkeys. **Virology**, v.330, p.8–15, 2004. <DOI: 10.1016/j.virol.2004.09.030>.

MCINTOSH, K. Coronaviruses: a comparative review. **Current Topics in Microbiology and Immunology**, v. 63, p. 85-129, 1974.

MÜLLER, M.A.; RAJ, V.S.; MUTH, D. Human Coronavirus EMC Does Not Require the SARS-Coronavirus. **mBio**, v.3, p.1–5, 2012. <DOI: 10.1128/mBio.00515-12.Editor>.

MUNSTER, V.J.; DE WIT, E.; FELDMANN, H. Pneumonia from Human Coronavirus in a Macaque Model. **The New England Journal of Medicine**, v.18, p.1–7, 2013. <DOI: 10.1056/NEJMc1215691>.

NAGATA, N.; IWATA, N.; HASEGAWA, H.; SATO, Y.; MORIKAWA, S.; SAIJO, M.; ITAMURA, S.; SAITO, T.; AMI, Y.; ODAGIRI, T.; TASHIRO, M.; SATA, T. Pathology and virus dispersion in cynomolgus monkeys experimentally infected with severe acute respiratory syndrome coronavirus via different inoculation routes. **International Journal of Experimental Pathology**, v.88, p.403–414, 2007. <DOI: 10.1111/j.1365-2613.2007.00567.x>.

NORCONK, M.A. Commentaries on field-laboratory collaborations in primatology: Introduction to a special section of the American Journal of Primatology. **American Journal of Primatology**, v.81, p.1–3, 2019. <DOI: 10.1002/ajp.22979>.

PERES, C.A.; EMILIO, T.; SCHIETTI, J.; DESMOULIÈRE, S.J.M.; LEVI, T. Dispersal limitation induces long-term biomass collapse in overhunted Amazonian forests. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.113, p.892–897, 2016. <DOI: 10.1073/pnas.1516525113>.

PETROSILLO, N.; VICECONTE, G.; ERGONUL, O.; IPPOLITO, G.; PETERSEN, E. COVID-19, SARS and MERS: are they closely related? **Clinical Microbiology and Infection**, v.26, p.729–734, 2020. <DOI: 10.1016/j.cmi.2020.03.026>.

POSSAS, C.; LOURENÇO-DE-OLIVEIRA, R.; TAUIL, P.L.; PINHEIRO, F.D.P.; PISSINATTI, A.; DA CUNHA, R.V.; FREIRE, M.; MARTINS, R.M.; HOMMA, A. Yellow fever outbreak in Brazil: the puzzle of rapid viral spread and challenges for immunisation. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v.113, p.e180278, 2018. <DOI: 10.1590/0074-02760180278>.

ROCHA, V.C.M.; IKUTA, C.Y.; GOMES, M.S.; QUAGLIA, F.; MATUSHIMA, E.R.; NETO, J.S.F. Isolation of *Mycobacterium tuberculosis* from captive *Ateles paniscus*. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v.11, p.593–594, 2011. <DOI: 10.1089/vbz.2010.0070>.

ROSENBAUM, M.; MENDOZA, P.; GHERSI, B.M.; WILBUR, A.K.; PEREZ-BRUMER, A.; CAVERO YONG, N.; KASPER, M.R.; MONTANO, S.; ZUNT, J.R.; JONES-ENGEL, L. Detection of *Mycobacterium tuberculosis* Complex in New World Monkeys in Peru. **EcoHealth**, v.12, p.288–297, 2015. <DOI: 10.1007/s10393-014-0996-x>.

ROWE, T.; GAO, G.; HOGAN, R.J.; CRYSTAL, R.G.; VOSS, T.G.; GRANT, R.L.; BELL, P.; KOBINGER, G.P.; WIVEL, N.A.; WILSON, J.M. Macaque Model for Severe Acute Respiratory Syndrome. **Journal of Virology**, v.78, p.11401–11404, 2004. <DOI: 10.1128/jvi.78.20.11401-11404.2004>.

SCHWITZER, C.; MITTERMEIER, R.A.; RYLANDS, A.B.; CHIOZZA, F.; WILLIAMSON, E.A.; MACFIE, E.J.; WALLIS, J.; COTTON, A. **Primates in**

Peril The world's 25 most endangered primates 2018-2020. Bristol: IUCN SSC Primate Specialist Group (PSG), International Primatological Society (IPS), Global Wildlife Conservation (GWC), Bristol Zoological Society (BZS), 2019. 129p.

SHANEE, N.; MENDOZA, A.P.; SHANEE, S. Diagnostic overview of the illegal trade in primates and law enforcement in Peru. **American Journal of Primatology**, v.79, p.1–12, 2017. <DOI: 10.1002/ajp.22516>.

SMITH, K.M.; ANTHONY, S.J.; SWITZER, W.M.; EPSTEIN, J.H.; SEIMON, T.; JIA, H.; SANCHEZ, M.D.; HUYNH, T.T.; GALLAND, G.G.; SHAPIRO, S.E.; SLEEMAN, J.M.; MCALOOSE, D.; STUCHIN, M.; AMATO, G.; KOLOKOTRONIS, S.O.; LIPKIN, W.I.; KARESH, W.B.; DASZAK, P.; MARANO, N. Zoonotic viruses associated with illegally imported wildlife products. **PLoS ONE**, v.7, 2012. <DOI: 10.1371/journal.pone.0029505>.

SMITH, R.D. Responding to global infectious disease outbreaks: lessons from SARS on the role of risk perception, communication and management. **Social Science & Medicine**, v.63, p. 3113–3123, 2006. <DOI: 10.1016/j.socscimed.2006.08.004>.

SMITS, S.L.; VAN DEN BRAND, J.M.A.; DE LANG, A.; LEIJTEN, L.M.E.; VAN IJCKEN, W.F.; VAN AMERONGEN, G.; OSTERHAUS, A.D.M.E.; ANDEWEG, A.C.; HAAGMANS, B.L. Distinct Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-induced acute lung injury pathways in two different nonhuman primate species. **Journal of Virology**, v.85, p.4234–4245, 2011. <DOI: 10.1128/jvi.02395-10>.

SMITS, S.L.; DE LANG, A.; VAN DEN BRAND, J.M.A.; LEIJTEN, L.M.; VAN IJCKEN, W.F.; EIJKEMANS, M.J.C.;

VAN AMERONGEN, G.; KUIKEN, T.; ANDEWEG, A.C.; OSTERHAUS, A.D.M.E.; HAAGMANS, B.L. Exacerbated innate host response to SARS-CoV in aged non-human primates. **PLoS Pathogens**, v.6, p. e1000756, 2010. <DOI: 10.1371/journal.ppat.1000756>.

SONG, Z.; XU, Y.; BAO, L.; ZHANG, L.; YU, P.; QU, Y.; QIN, C. From SARS to MERS, thrusting coronaviruses into the spotlight. **Viruses**, v.11, p.59, 2019. <DOI: 10.3390/v11010059>.

SUBBARAO, K.; ROBERTS, A. Is there an ideal animal model for SARS? **Trends in Microbiology**, v.14, p.299–303, 2006. <DOI: 10.1016/j.tim.2006.05.007>.

SUTTON, T.C.; SUBBARAO, K. Development of animal models against emerging coronaviruses: From SARS to MERS coronavirus. **Virology**, v.479–480, p.247–258, 2015. <DOI: 10.1016/j.virol.2015.02.030>.

TERZIAN, A.C.B.; ZINI, N.; SACCHETTO, L.; ROCHA, R.F.; PARRA, M.C.P.; DEL SARTO, J.L.; DIAS, A.C.F.; COUTINHO, F.; RAYRA, J.; SILVA, R.A. DA; COSTA, V.V.; FERNANDES, N.C.C.D.A.; RÉSSIO, R.; DÍAZ-DELGADO, J.; GUERRA, J.; CUNHA, M.S.; CATÃO-DIAS, J.L.; BITTAR, C.; REIS, A.F.N.; SANTOS, I.N.P. DOS; FERREIRA, A.C.M.; CRUZ, L.E.A.A.; RAHAL, P.; ULLMANN, L.; MALOSSI, C.; DE ARAÚJO, J.P.; WIDEN, S.; DE REZENDE, I.M.; MELLO, É.; PACCA, C.C.; KROON, E.G.; TRINDADE, G.; DRUMOND, B.; CHIARAVALLOTI-NETO, F.; VASILAKIS, N.; TEIXEIRA, M.M.; NOGUEIRA, M.L. Evidence of natural Zika virus infection in neotropical non-human primates in Brazil. **Scientific Reports**, v.8, p.1–15, 2018. <DOI: 10.1038/s41598-018-34423-6>.

TILMAN, D.; CLARK, M. Global diets link environmental sustainability and human health. **Nature**, v.515, p.518–522, 2014. <DOI: 10.1038/nature13959>.

UNITED NATIONS. **Department of Economic and Social Affairs. Everyone Included: Social Impact of COVID-19**. 2020. Disponível em: <<https://www.un.org/development/desa/dsp/everyone-included-covid-19.html>> Acesso em: 19 May. 2020.

VAN DER HOEK, L.; PYRC, K.; JEBBINK, M.F.; VERMEULEN-OOST, W.; BERKHOUT, R.J.; WOLTERS, K.C.; WERTHEIM-VAN DILLEN, P. M.; KAANDORP, J.; SPAARGAREN, J.; BERKHOUT, B. Identification of a new human coronavirus. **Nature Medicine**, v.10, p.368–373, 2004. <DOI: 10.1038/nm1024>.

VAN DOREMALEN, N.; FALZARANO, D.; YING, T.; DE WIT, E.; BUSHMAKER, T.; FELDMANN, F.; OKUMURA, A.; WANG, Y.; SCOTT, D.P.; HANLEY, P.W.; FELDMANN, H.; DIMITROV, D.S.; MUNSTER, V.J. Efficacy of antibody-based therapies against Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) in common marmosets. **Antiviral Research**, v.143, p.30–37, 2017. <DOI: 10.1016/j.antiviral.2017.03.025>.

VERGARA-ALERT, J.; VIDAL, E.; BENSALID, A.; SEGALÉS, J. Searching for animal models and potential target species for emerging pathogens: Experience gained from Middle East respiratory syndrome (MERS) coronavirus. **One Health**, v.3, p.34–40, 2017. <DOI: 10.1016/j.onehlt.2017.03.001>.

WANG, X.; XU, W.; HU, G.; XIA, S.; SUN, Z.; LIU, Z.; XIE, Y.; ZHANG, R.; JIANG, S.; LU, L. SARS-CoV-2 infects T lymphocytes through its spike protein-mediated membrane fusion. **Cellular &**

Molecular Immunology, p.1–3, 2020. <DOI: 10.1038/s41423-020-0424-9>.

WHO (World Health Organization). **Coronavirus disease (COVID-19) Situation Report - 150**. 2020a. Disponible en: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200618-covid-19-sitrep-150.pdf?sfvrsn=aa9fe9cf_2> Acceso en: 18 Jun. 2020.

WHO (World Health Organization) 2020 June 4. **Situation Report about Deaths from COVID-19 in the World**. 2020b. Disponible en: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200501-covid-19-sitrep.pdf?sfvrsn=742f4a18_2> Acceso en: 5 Jun. 2020.

WOO, P.C.; LAU, S.K.; CHU, C.M.; CHAN, K.H.; TSOI, H.W.; HUANG, Y.; WONG, B.H.; POON, R.W.; CAI, J.J.;

LUK, W.K. Characterization and complete genome sequence of a novel coronavirus, coronavirus HKU1, from patients with pneumonia. **Journal of Virology**, v.79, p.884–895, 2005. <DOI: 10.1128/JVI.79.2.884-895.2005>.

YE, Z.-W.; YUAN, S.; YUEN, K.-S.; FUNG, S.-Y.; CHAN, C.-P.; JIN, D.-Y. Zoonotic origins of human coronaviruses. **International Journal of Biological Sciences**, v.16, p.1686–1697, 2020. <DOI: 10.7150/ijbs.45472>.

ZHAO, S.; LIN, Q.; RAN, J.; MUSA, S. S.; YANG, G.; WANG, W. Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019-nCoV) in China, from 2019 to 2020: a data-driven analysis in the early phase of the outbreak. **International Journal of Infectious Diseases**. v. 92, p.214-217, 2020. <DOI: 10.1016/j.ijid.2020.01.050>.