

**АНАЛІЗ ПОШИРЕННЯ SARS-COV-2 У СВІТІ
СЕРЕД РІЗНИХ ВИДІВ ТВАРИН****А. В. МОЛОЖАНОВА**, аспірант, <https://orcid.org/0009-0002-8166-8979>**Інститут ветеринарної медицини НААН України**

E-mail: vetereneri@ukr.net

[https://doi.org/10.31548/dopovid.3\(109\).2024.016](https://doi.org/10.31548/dopovid.3(109).2024.016)

Анотація. У даній статті представлені результати епізоотологічного аналізу даних сучасної, переважно іноземної, наявної інформації щодо виникнення та поширення SARS-CoV-2 серед різних видів тварин. Використовували офіційні дані Держпродспоживслужби України та офіційні дані організації Всесвітньої охорони здоров'я тварин (МЕБ). Також було проведено аналіз доступної інформації опублікованої іноземними та вітчизняними вченими стосовно випадків захворювання та позитивних результатів досліджень на COVID-19 серед тварин.

SARS-CoV-2 став найбільшою глобальною катастрофою в галузі охорони здоров'я з часів пандемії грипу 1918 року відомого як «іспанський грип», створивши безпрецедентну загрозу для всього людства, завдавши колосальних збитків світовій економіці.

За останні два десятиліття спалахи коронавірусу викликали занепокоєння у всьому світі, включи випадки з важким гострим респіраторним синдромом (SARS), що зареєстрований у Китаї в 2003 році. Та спалах у 2012 році з Близькосхідним респіраторним синдромом (MERS). Коронавіруси, такі як MERS-CoV і SARS, разом із лихоманкою Ебола та грипом перебувають у списках інфекцій із пандемічним потенціалом.

Коронавіруси спричиняють велику різноманітність захворювань у тварин, і їхня здатність викликати важкі захворювання худоби, таких як свині, корови, кури, собаки та коти, призвела до значних досліджень цих вірусів у останній половині двадцятого століття.

Широкий спектр видів ссавців продемонстрував сприйнятливість через експериментальне зараження та в природних умовах під час тісного контакту з інфікованими людьми та іншими інфікованими тваринами. Але зафіксовано випадки коли люди можуть передати SARS-CoV-2 тваринам, особливо під час близького контакту. Такі випадки інфікування тварин SARS-CoV-2 було задокументовано по всьому світу. Більшість цих тварин заразилися після контакту з людьми з COVID-19, включаючи власників, доглядачів або інших осіб, які були в тісному контакті.

Ключові слова: COVID 19; CoV; MERS-CoV; коронавіруси

Вступ. У грудні 2019 року весь світ зіткнувся зі спалахом нової коронавірусною хворобою (COVID-19). Збудник хвороби дуже швидко пневмонії, яку пізніше назвали поширився і призвів до значної

Моложанова А. В.

кількості захворювань і смертей в усьому світі, викликавши інфікування мільйонів людей. SARS-CoV-2 став найбільшою глобальною катастрофою в галузі охорони здоров'я з часів пандемії грипу 1918 року відомого як «іспанський грип» P. Spreeuwenberg та ін. (Dec 2018), створивши безпрецедентну загрозу для всього людства, завдавши колосальних збитків світовій економіці. Вже в березні 2020 року Всесвітня організація охорони здоров'я оголосила пандемію (1-5).

За останні два десятиліття спалахи коронавірусу викликали занепокоєння у всьому світі, включи випадки з важким гострим респіраторним синдромом (SARS), що зареєстрований у Китаї в 2003 році, та спричинив смерті майже 800 людей у 33 країнах протягом восьми місяців (6-8). Та спалах у 2012 році з Близькосхідним респіраторним синдромом (MERS). Коронавіруси, такі як MERS-CoV і SARS, разом із лихоманкою Ебола та грипом перебувають у списках інфекцій із пандемічним потенціалом. Згідно з наявними даними, рівень смертності від COVID-19 становить 4,4%, що набагато менше, ніж 10% для SARS і близько 30% для MERS-CoV. Але це не привід послаблювати заходи стримування та контролю так як вірус продовжує циркулювати і все ще залишається загрозою, тому що неможливо достеменно передбачити,

коли може з'явитися новий штам, і залишається багато питань (9-12).

COVID-19 є більш заразним, ніж SARS або MERS-CoV, і, що важливо, може передаватися латентно. Це пов'язано з тим, що багато людей з COVID-19 мають безсимптомний перебіг, або мають дуже легкі симптоми, тому вони не виконують належним чином карантинних заходів та продовжують поширювати інфекцію (13-16).

Незважаючи на досвід інших попередніх пандемій і великих епідемічних подій, SARS-Cov-2 є унікальним у багатьох аспектах своєї природної історії. Він демонструє непередбачуваність початкових умов спалахів у локальному масштабі та роль випадкових ситуацій, типових для ранньої інвазії хазяїна, таких як можливість глобального поширення, під час якого інфікована людина передає вірус набагато більший кількості людей, ніж у середньому, що збільшує невизначеність у кожній ураженій популяції людей та її епідеміологічній динаміці (17,18,19).

Збудник COVID-19 був швидко ідентифікований як новий коронавірус, важкий гострий респіраторний синдром коронавірус 2 (SARS-CoV-2). Вважається, що вірус виник у диких тварин і був переданий людям через проміжну неідентифіковану тварину-господаря (20,21). Так як перші випадки зараження COVID-19 в Ухані були скупчені навколо місцевого ринку

Моложанова А. В.

морепродуктів, що й породило припущення про тваринне походження вірусу, з можливістю того, що він міг подолати видовий бар'єр і заразити людей на ринку, а в подальшому викликало глобальну пандемію через передачу від людини до людини (22,23,24). Дані початкового розслідування в Китаї вказують на людину, яка з'їла змію, що з'їла кажана, який і був носієм вірусу. Але інші вчені ставлять під сумнів цю гіпотезу, що унеможливорює достовірне встановлення факту первинного інфікування людини (25).

Коронавіруси (CoV) є найбільшою групою вірусів, що належать до ряду Nidovirales, який включає родини Coronaviridae, Arteriviridae, Mesoniviridae та Roniviridae. Coronavirinae входять в одну з двох підродин родини Coronaviridae і отримав свою назву завдяки своїй специфічній структурі, що нагадує корону на зображенні під електронним мікроскопом, а іншу — Torovirinae. Коронавіруси Coronavirinae також поділяються на чотири роди: альфа-, бета-, гамма- та дельта-коронавіруси. Віруси спочатку були відсортовані за цими родами на основі серологічних ознак, але тепер вони розділені за філогенетичною кластеризацією. Як і РНК-віруси загалом, коронавіруси (CoV) демонструють високу швидкість мутацій, що в поєднанні з їхньою сильною тенденцією до

рекомбінації дозволяє їм подолати бар'єр виду господаря та адаптуватися до нових господарів (26,27,28).

Усі віруси ряду Nidovirales є оболонковими несементованими вірусами позитивної РНК. Усі вони містять дуже великі геноми для РНК-вірусів, причому деякі віруси мають найбільші ідентифіковані РНК-геноми, що містять до 33,5 кілобаз (кб). Основні відмінності в сімействах нідовірусів полягають у кількості, типі та розмірах структурних білків. Ці відмінності викликають значні зміни в структурі та морфології нуклеокапсидів і віріонів (29).

Метою роботи було проведення аналізу поширення вірусу SARS-CoV-2 серед різних видів тварин.

Матеріали і методи досліджень. В роботі використані методи аналізу, синтезу, проведено епізоотологічний аналіз поширення збудника, проаналізовано та узагальнено дані науково-методичної та спеціальної літератури щодо поширення вірусу SARS-CoV-2 серед різних видів тварин, наукові публікації, офіційні дані Всесвітньої організації охорони здоров'я тварин (МЕБ) та матеріали мережі Internet.

Результати. Коронавіруси спричиняють велику різноманітність захворювань у тварин, і їхня здатність викликати важкі захворювання худоби, таких як свині, корови, кури, собаки та коти, призвела до значних досліджень цих вірусів у останній

Моложанова А. В.

половині двадцятого століття (30). Наприклад, вірус трансмісивного гастроентериту (TGEV) і вірус епідемічної діареї свиней (PEDV) викликають важкий гастроентерит у молодих поросят, що призводить до значної захворюваності, смертності та, зрештою, економічних втрат (31-33). PEDV нещодавно вперше з'явився в Північній Америці, спричинивши значні втрати молодих поросят (34-36). Вірус гемаглютинаційного енцефаломієліту свиней (PHEV) здебільшого призводить до кишкової інфекції, але має здатність вражати нервову систему, викликаючи енцефаліт, блювоту та виснаження у свиней. Кишковий коронавірус котів (FCoV) викликає легку або безсимптомну інфекцію у домашніх котів, але під час стійкої інфекції мутація перетворює вірус у високовірулентний штам FCoV, вірус інфекційного перитоніту котів (FIPV), що призводить до розвитку смертельної хвороби під назвою котячий інфекційний перитоніт (FIP). FIP має вологу та суху форми, подібні до захворювання людини, саркоїдозу. FIPV є тропним до макрофагів, і вважається, що він викликає аномальну експресію цитокінів і/або хемокінів і виснаження лімфоцитів, що призводить до летального захворювання (37,38). Однак для підтвердження цієї гіпотези необхідні додаткові дослідження. CoV великої рогатої худоби, щурячий CoV та вірус

інфекційного бронхіту (IBV) викликають легкі та важкі інфекції дихальних шляхів у великої рогатої худоби (39-41), щурів та курей відповідно. CoV великої рогатої худоби завдає значних збитків у тваринництві, а також поширився на різноманітних жуйних тварин, включаючи лосів, оленів і верблюдів. На додаток до важких респіраторних захворювань, вірус викликає діарею («зимова дизентерія» та «морська лихоманка»), що призводить до втрати ваги, зневоднення, зниження виробництва молока та збитків (39). Деякі штами IBV, γ-коронавірусу, також впливають на сечостатеві шляхи курей, викликаючи захворювання нирок. Інфекція репродуктивного тракту IBV значно знижує виробництво яєць, щороку спричиняє значні втрати в галузі виробництва яєць (42). Нещодавно новий коронавірус під назвою SW1 був ідентифікований у померлої білухи (43). У печінці померлого кита з респіраторним захворюванням і гострою печінковою недостатністю виявлено велику кількість вірусних частинок. Хоча електронно-мікроскопічних зображень було недостатньо, щоб ідентифікувати вірус як коронавірус, а секвенування рибонуклеїнових кислот виділених з тканини печінки чітко ідентифікувало вірус як коронавірус. Пізніше на основі філогенетичного аналізу було визначено, що це γ-коронавірус, але експериментально ще не

Моложанова А. В.

підтверджено, що цей вірус насправді є збудником хвороби у китів. Крім того, спостерігався великий інтерес до виявлення нових CoV кажанів, оскільки вони є ймовірними предками SARS-CoV і MERS-CoV, і за останнє десятиліття було ідентифіковано сотні нових коронавірусів кажанів (44,45). Не так давно відкрите ще одне нове сімейство нідовірусів, Mesoniviridae, було ідентифіковано як перші нідовіруси, які інфікують виключно комах-господарів (46). Ці віруси сильно відрізняються від інших нідовірусів, але найбільш тісно пов'язані з ронівірусами. За розміром вони становлять ~20 кб, займаючи середнє місце між великими та малими нідовірусами. Цікаво, що ці віруси не кодують ендорібонуклеазу, яка присутня у всіх інших нідовірусах. Ці атрибути свідчать про те, що ці віруси є прототипом нового сімейства нідовірусів і можуть бути відсутньою ланкою в переході від малих до великих нідовірусів (47).

Широкий спектр видів ссавців продемонстрував сприйнятливість через експериментальне зараження та в природних умовах під час тісного контакту з інфікованими людьми та іншими інфікованими тваринами. На сьогоднішній день недостатньо наукових доказів, щоб ідентифікувати джерело SARS-CoV-2 або пояснити вихідний шлях передачі людині, який міг включати проміжного господаря (48-50). Але зафіксовано випадки коли люди можуть передати SARS-

CoV-2 тваринам, особливо під час близького контакту (51). Такі випадки інфікування тварин SARS-CoV-2 було задокументовано по всьому світу. Більшість цих тварин заразилися після контакту з людьми з COVID-19, включаючи власників, доглядачів або інших осіб, які були в тісному контакті (52,53). Наразі достеменно не відомо всіх тварин, які можуть заразитися, та з численних повідомлень про інфікування тварин в усьому світі, ми бачимо, що це тварини-компаньйони, включаючи домашніх котів, собак, хом'яків і тхорів; тварини в зоопарках і заповідниках, включно з кількома видами великих кішок (наприклад, леви, тигри, снігові барси, пуми), та інші види тварин.

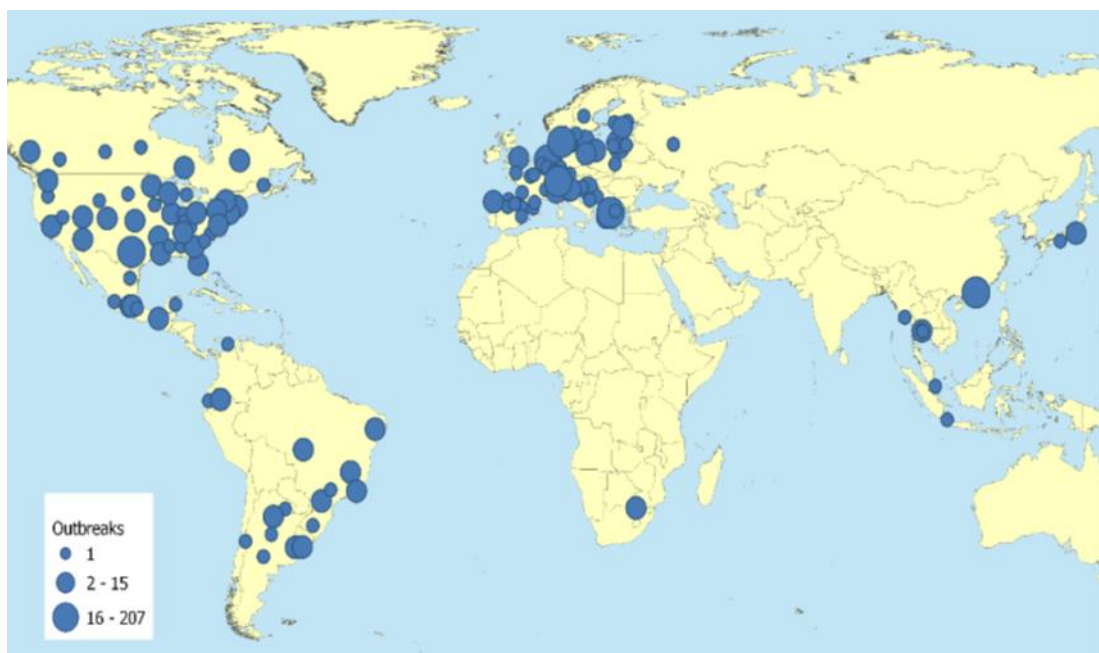
Сприйнятливі тварини мають подібний людському інкубаційний період 2–14 днів. Клінічні прояви інфекції SARS-CoV-2 у тварин були симптоматичними (лихоманка, втрата апетиту, млявість, кашель, чхання, носові виділення та шлунково-кишкові прояви в вигляді проносів та блювоти) а більшість тварин взагалі мали безсимптомний перебіг (54,55).

На офіційному сайті World Organisation for Animal Health (WOAH) про спалахи SARS-CoV-2 серед тварин повідомлялося з березня 2020 року. На лютий 2024 року зареєстровано загальну кількість випадків серед тварин 775 в 36 країнах світу у 29 різних видів тварин.

Перший випадок SARS-CoV-2 у тварин було офіційно повідомлено WOAH Гонконгом (SARC) 29 лютого 2020 р. це була собака. Тварину помістили на карантин 26 лютого 2020 року після того, як її власника госпіталізували через інфікування COVID-19. У даної собаки в карантинній установі були взяті мазки з носа, порожнини рота, прямої кишки, а також фекалій. Зразки носа та порожнини рота дали позитивний результат на SARS-CoV-2, досліджували методом rRT-PCR. В подальшому продовжили відбір зразків з носа, мазки взяті 2 числа 5 і

9 березня тести продовжували бути позитивними. Усі зразки мазків, взяті 12 і 13 березня, виявилися негативними. Результати тестів підтверджують, що собака була інфікована SARS-CoV-2. Проте жодної клінічної ознаки за час карантину виявлено не було. Після завершення карантину та чергових негативних результатів тестування тварину повернули власнику.

Географічне поширення спалахів SARS-CoV-2 серед тварин у всьому світі показано на малюнку 1. Фото взято з офіційного сайту WOAH.



Малюнок 1. Розповсюдження спалахів SARS-CoV-2 у всьому світі, фото з сайту WOAH (станом на 30 червня 2023 р.). Розмір точки на карті пропорційний кількості повідомлених спалахів.

Згідно з дослідженнями провідних вчених (Shi J et al, 2020; Bosco-Lauth AM et al, 2020; Sit THC et al, 2020; Zhai X et al, 2020) собаки мають низьку сприйнятливість до

SARS-CoV-2 і не мають клінічних ознак або передачі від собаки до собаки, можливо, через низький рівень ACE2 у дихальних шляхах (56-59). Але огляд зареєстрованих даних

Моложанова А. В.

WOAH показує, що фіксувалися деякі поодинокі випадки, коли у собак все ж таки проявлялися клінічні ознаки. Наприклад у собаки з Фінляндії були зареєстровані слабкі респіраторні клінічні ознаки, такі як кон'юнктивіт, кашель, задишка і слабкість, хвороба закінчилася одужанням. Також були і більш серйозні прояви симптомів хвороби у собаки породи лабрадор в Об'єднаному Королівстві, що проявлялися шлунково-кишковими та респіраторними клінічними ознаками, включаючи блювоту, діарею, втрату апетиту, млявість, кашель і дещо підвищена температура тіла, прискорене серцебиття та здуття живота, дана тварина загинула. Та значна більшість собак все ж таки не виявляла жодних симптомів взагалі (60,61).

В той же час котячі (домашні коти, тигри, леви та споріднені тварини в зоопарках) проявляли симптоми хвороби значно частіше. Так у домашніх кішок спостерігали слабкість, чхання і виділення з носа. В окремих випадках проявлялася задишка, хрип, хрипіння, утруднене дихання, двосторонні виділення з носа, виділеннями з очей, блювота та проноси (62,63).

У зоопарках тигри та леви проявляли як легкі респіраторні симптоми та одужання через тиждень так і демонстрували симптоми важкого дихання, кашлю та чхання, втрати апетиту. Деякі з тварин загинули.

У Сполучених Штатах Америки фіксували значну кількість випадків зараження дикі білохвості олені вірусом SARS-CoV-2. Повідомлень про клінічні ознаки інфекції у оленів не надходило. Вчені зазначили, що більш ранні дослідження показали, що олені можуть бути експериментально заражені вірусом. А деякі дикі олені навіть мали антитіла до вірусу (64-66).

На спеціалізованих норкових фермах, починаючи з нідерландської провінції Брабант виявляли коронавірусну інфекцію COVID-19 у норок. У тварин відмічали проблеми із травленням і диханням. Відомо, що SARS-CoV-2 здатний інфікувати широкий спектр ссавців, але найбільшу кількість інфекцій SARS-CoV-2, не пов'язаних із людиною, було виявлено у норок, котятих, собак і оленів. З огляду цих даних можна зробити висновки, що значна частина заражених тварин мала безпосередній контакт з людьми. Це були домашні улюбленці такі як коти та собаки, тварини які живуть в зоопарках та промислові тварини такі як норки, всі вони так чи інакше контактують з людьми (67-68).

Висновки та перспективи подальших досліджень. За останні три десятиліття відбулася поява кількох різних коронавірусів у тварин та людей, які спричиняють різноманітні захворювання людини та різних видів тварин. Нові коронавіруси також були виявлені в

Моложанова А. В.

дикій природі або диких популяціях, які утримуються в неволі, що викликає значне занепокоєння щодо швидкості їх поширення та мутаційних властивостей. Цілковито ймовірно, що ці віруси продовжуватимуть з'являтися та розвиватися, спричиняючи спалахи як у людей, так і у тварин відповідно, завдяки своїй здатності рекомбінувати, мутувати та інфікувати численні види та типи клітин. Так і COVID-19 все ще залишається значною загрозою бо неможливо достовірно передбачити, коли може з'явитися новий штам викликавши нові спалахи хвороби, що викликає багато різних питань. Тому дуже важливо продовжувати

дослідження коронавірусів, їх патогенезу, для кращого розуміння здатності цих вірусів долати міжвидові бар'єри. Це значно допоможе здатності передбачити, коли і де можуть виникнути потенційні епідемії. Через міжвидову передачу CoV та еволюцію нових вірусів дуже важливо визначити їх природні резервуари та можливі обставини, за яких відбувається їх передача. Тому інвестиції в науку з фокусом на єдиному здоров'ї будуть допомагати боротися з майбутніми зоонозами та ретельно стежити за станом екосистеми, щоб обмежити втручання людини та мінімізувати вплив на взаємодію між людиною та дикою природою.

References

1. Wu F. et al. (2020). A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature*, 579,, 265–269.
2. Zhou P. et al. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 270–273.
3. Jeffery K. Taubenberger, John C. Kash, David M. Morens. (2019). The 1918 influenza pandemic: 100 years of questions answered and unanswered. *Sci Transl Med*. 24;11(502):eaau5485. doi: 10.1126/scitranslmed.aau5485.
4. Latinne, A., Hu, B., Olival, K. J., Zhu, G., Zhang, L., Li, H., Chmura, A. A., Field, H. E., Zambrana-Torrel, C., Epstein, J. H., Li, B., Zhang, W., Wang, L.-F., Shi, Z.-L., & Daszak, P. (2020). Origin and cross-species transmission of bat coronaviruses in China. *Nature Communications*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17687-3>
5. World Health Organization <https://www.who.int/>
6. Kumar D., Batra L., Malik M.T.(2020). Insights of Novel Coronavirus (SARS-CoV-2) disease outbreak, management and treatment.

AIMS Microbiol. 6(3):183-203. doi: 10.3934/microbiol.2020013.

7. Da Silva, P.G., Mesquita, J.R., de São José Nascimento, M., & Ferreira, V.A.M. (2020). Viral, host and environmental factors that favor anthroponotic spillover of coronaviruses: an opinionated review, focusing on SARS-CoV, MERS-CoV and SARS-CoV-2. *Sci Total Environ.*, 750, 141483. 10.1016/j.scitotenv.2020.141483.

8. Severe acute respiratory syndrome (SARS): SARS basics fact sheet. Available at: <https://www.cdc.gov/sars/about/fs-sars.html> (Accessed 2022-09-04). CDC. 2022.

9. Rabaan A.A., Al-Ahmed S.H., Haque S., Sah R., Tiwari R., Malik Y.S., Dhama K., Yatoo M.I., Bonilla-Aldana D.K., (2020). SARS-CoV-2, SARS-CoV, and MERS-COV: A comparative overview. *Infez Med*. 28(2):174-184.

10. Mahmoud Kandeel, Abdelazim Ibrahim, Mahmoud Fayez, Mohammed Al-Nazawi.(2020). From SARS and MERS CoVs to SARS-CoV-2: Moving toward more biased codon usage in viral structural and nonstructural genes. *J Med Virol*, 92(6):660-666. doi: 10.1002/jmv.25754.

11. Peeri, N.C., Shrestha, N., Rahman, M.S., Zaki, R., Tan, Z., Bibi, S., Baghbanzadeh, M., Aghamohammadi, N., Zhang, W., & Haque, U. (2020). The SARS, MERS and novel coronavirus (COVID-19) epidemics, the newest and biggest global health threats: what lessons have we learned? *Int J Epidemiol.*, 49(3), 717–726. doi: 10.1093/ije/dyaa033.
12. Liya G., Yuguang W., Jian L., Huaiping Y., Xue H., Jianwei H., Jiaju M., Youran L., Chen M., Yiqing J.(2020). Studies on viral pneumonia related to novel coronavirus SARS-CoV-2, SARS-CoV, and MERS-CoV: a literature review. *APMIS*, 128(6):423-432. doi: 10.1111/apm.13047.
13. Feshchenko, Y.I. National Institute of Phthisiology and Pulmonology named after F.G. Yanovsky NAMS of Ukraine, Kyiv.(2020). Viral load as a marker of the risk of severe course and progression of COVID-19: a review. *Infusion & Chemotherapy*, (2), 5-10. <https://doi.org/10.32902/2663-0338-2020-2-5-10>.
14. Zhang, Y.Z., & Holmes, E.C. (2020). A genomic perspective on the origin and emergence of SARS-CoV-2. *Cell*, 181:223–227.
15. Adriaan H de Wilde, Eric J Snijder, Marjolein Kikkert , Martijn J van Hemert (2018). Host Factors in Coronavirus Replication. *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 419, 1–42. doi: 10.1007/82_2017_25 |
16. Ghosh, P., Jayaram, S., Patwardhan, D., Marimuthu, S., Lenehan, P., Venkatakrishnan, A., et al. (2021). Diversity of coronavirus receptors. 2021080071. doi: 10.20944/preprints202108.0071.v1
17. KATHY KATELLA JANUARY 6, (2023). 9 Things Everyone Should Know About the Coronavirus Outbreak <https://www.yalemedicine.org/news/2019-novel-coronavirus>
18. Li, X., Zai, J., Zhao, Q., Nie, Q., Li, Y., Foley, B. T., et al. (2020). Evolutionary history, potential intermediate animal host, and cross-species analyses of SARS-CoV-2. *J. Med. Virol.* 92 (6), 602–611. doi: 10.1002/jmv.25731
19. Walls, A. C., Park, Y. J., Tortorici, M. A., Wall, A., McGuire, A. T., Veesler, D. (2020). Structure, function and antigenicity of the SARS-CoV-2 spike glycoprotein. *Cell* 181 (2), 281–292. doi: 10.1016/j.cell.2020.02.058
20. Qian Li, Taif Shah, Binghui Wang, Linyu Qu, Rui Wang, Yutong Hou, Zulqarnain Baloch, Xueshan Xia. (2023) Cross-species transmission, evolution and zoonotic potential of coronaviruses. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.1081370>
21. Banerjee, A.; Doxey, A.C.; Mossman, K.; Irving, A.T. (2021). Unraveling the zoonotic origin and transmission of SARS-CoV-2. *Trends Ecol. Evol.* 36, 180–184.
22. Shereen, M.A.; Khan, S.; Kazmi, A.; Bashir, N.; Siddique, R. (2020). COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *J. Adv. Res.* 24, 91–98.
23. Ye, Z. W., Yuan, S., Yuen, K. S., Fung, S. Y., Jin, D. Y. (2020). Zoonotic origins of human coronaviruses. *Int. J. Biol. Sci.* 16 (10), 1686–1697. doi: 10.7150/ijbs.45472
24. Worobey, M., Levy, J. I., Malpica Serrano, L., Crits-Christoph, A., Pekar, J. E., Goldstein, S. A., et al. (2022). The huanan seafood wholesale market in wuhan was the early epicenter of the COVID-19 pandemic. *Science* 377 (6609), 951–959. doi: 10.1126/science.abp8715
25. Monica Guy, (2020). Coronavirus: a wake-up call on illegal wildlife trade? Basel Institute on Governance. <https://baselgovernance.org/blog/coronavirus-wake-call-illegal-wildlife-trade>
26. A.; Shereen, M.A.; Khan, S.; Kazmi Bashir, N.; Siddique, R. (2020). COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *J. Adv. Res.*, 24, 91–98.
27. Hidalgo P., Valdés M., González R.A.(2021). Molecular biology of coronaviruses: an overview of virus-host interactions and pathogenesis. *Bol Med Hosp Infant Mex*, 78(1):41-58. doi: 10.24875/BMHIM.20000249.
- 28.Emily Clayton, Mohammed A. Rohaim, Mahmoud Bayoumi, Muhammad Munir. (2021). The Molecular Virology of Coronaviruses with Special Reference to SARS-CoV-2. *Adv Exp Med Biol*, 2021:1352:15-31. doi: 10.1007/978-3-030-85109-5_2.

29. Xue-Yan Zhang, Hao-Jie Huang, Dong-Lin Zhuang, Moussa Ide Nasser, Ming-Hua Yang, Ping Zhu, Ming-Yi Zhao. (2020) Biological, clinical and epidemiological features of COVID-19, SARS and MERS and AutoDock simulation of ACE2. *Infect Dis Poverty*. 9: 99. DOI: 10.1186/s40249-020-00691-6
30. Pickering, B.S.; Smith, G.; Pinette, M.M.; Embury-Hyatt, C.; Moffat, E.; Marszal, P.; Lewis, C.E. (2021). Susceptibility of Domestic Swine to Experimental Infection with Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2. *Emerg. Infect. Dis*. 27, 104–112.
31. Magtoto, R., Poonsuk, K., Baum, D., Zhang, J., Chen, Q., Ji, J., Piñeyro, P., Zimmerman, J., & Giménez-Lirola, L. G. (2019). Evaluation of the Serologic Cross-Reactivity between Transmissible Gastroenteritis Coronavirus and Porcine Respiratory Coronavirus Using Commercial Blocking Enzyme-Linked Immunosorbent Assay Kits. *ASM Journals*, 4(2). <https://doi.org/10.1128/mSphere.00017-19>
32. Saipeng Cheng, Huiguang Wu, and Zhenhai Chen (2020). Evolution of transmissible gastroenteritis virus (TGEV): A codon usage perspective. *International Journal of Molecular Sciences* 21 (21). doi: 10.3390/ijms21217898
33. Li Z., Chen Y., Li L., Xue M., Feng L.(2024). Different Infectivity of Swine Enteric Coronaviruses in Cells of Various Species. *Pathogens*, 15;13(2):174. doi: 10.3390/pathogens13020174.
34. Turlewicz-Podbielska, H., & Pomorska-Mól, M. (2021). Porcine Coronaviruses: Overview of the State of the Art. *Virologica Sinica*, 36(5), 833–851. <https://doi.org/10.1007/s12250-021-00364-0>
35. Li, G., Zhai, S. L., Zhou, X., Chen, T. B., Niu, J. W., Xie, Y. S., et al. (2022). Phylogeography and evolutionary dynamics analysis of porcine delta-coronavirus with host expansion to humans. *Transbound Emerg. Dis*. 69 (5), 1670–1681. doi: 10.1111/tbed.14503
36. Liu, Q., Wang, H. Y. (2021). Porcine enteric coronaviruses: an updated overview of the pathogenesis, prevalence, and diagnosis. *VETERINARY Res. Commun*. 45 (2-3), 75–86. doi: 10.1007/s11259-021-09808-0
37. G Tekes 1, H-J Thiel. (2016) Feline Coronaviruses: Pathogenesis of Feline Infectious Peritonitis. *Adv Virus Res*, 96:193-218. doi: 10.1016/bs.aivir.2016.08.002.
38. Islam, A., Ferdous, J., Islam, S., Abu Sayeed, M., Choudhury, S. D., Saha, O., et al. (2021). Evolutionary dynamics and epidemiology of endemic and emerging coronaviruses in humans, domestic animals, and wildlife. *Viruses* 13 (10). doi: 10.3390/v13101908
39. Giovanni Franzo, Michele Drigo, Matteo Legnardi, Laura Grassi, Daniela Pasotto, Maria Luisa Menandro, Mattia Cecchinato, Claudia Maria Tucciarone. (2020). Bovine Coronavirus: Variability, Evolution, and Dispersal Patterns of a No Longer Neglected Betacoronavirus. *Viruses*, 12(11):1285. doi: 10.3390/v12111285.
40. Vlasova, A. N., Saif, L. J. (2021). Bovine coronavirus and the associated diseases. *Front. Veterinary Sci*. 8, 643220. doi: 10.3389/fvets.2021.643220
41. Zhu, Q., Li, B., Sun, D. (2022). Advances in bovine coronavirus epidemiology. *Viruses* 14 (5). doi: 10.3390/v14051109
42. Alhamo, M. A., Boley, P. A., Liu, M., Niu, X., Yadav, K. K., Lee, C., et al. (2022). Characterization of the cross-species transmission potential for porcine deltacoronaviruses expressing sparrow coronavirus spike protein in commercial poultry. *Viruses* 14 (6). doi: 10.3390/v14061225
43. H.M. Stone, E. Unal, T. A. Romano, P. E. Turner. (2023). Beluga whale and bottlenose dolphin ACE2 proteins allow cell entry mediated by spike protein from three variants of SARS-CoV-2. *Biol Lett*. 19(12):20230321. doi: 10.1098/rsbl.2023.0321.
44. Cerri A, Bolatti E.M., Zorec T.M., Montani M.E., Rimondi A., Hosnjak L., Casal P.E., Di Domenica V., Barquez R.M., Poljak M., Giri A.A. (2023). Identification and characterization of novel alphacoronaviruses in *Tadarida brasiliensis* (Chiroptera, Molossidae) from Argentina: insights into recombination as a mechanism favoring bat coronavirus cross-

Моложанова А. В.

species transmission. *Microbiol Spectr*, 11(5):e0204723. doi: 10.1128/spectrum.02047-23.

45. Wong, A. C. P., Lau, S. K. P., Woo, P. C. Y. (2021). Interspecies jumping of bat coronaviruses. *Viruses* 13 (11). doi: 10.3390/v13112188

46. Nga PT, Parquet Mdel C, Lauber C et al (2011) Discovery of the first insect nidovirus, a missing evolutionary link in the emergence of the largest RNA virus genomes. *PLoS Pathog* 7:e1002215. doi:10.1371/journal.ppat.1002215

47. Lauber C, Ziebuhr J, Junglen S et al (2012) Mesoniviridae: a proposed new family in the order Nidovirales formed by a single species of mosquito-borne viruses. *Arch Virol* 157:1623–1628. doi:10.1007/s00705-012-1295-x

48. Connor Rutherford, Pratap Kafle, Catherine Soos, Tasha Epp, Lori Bradford, and Emily Jenkins. (2022) Investigating SARS-CoV-2 Susceptibility in Animal Species: A Scoping Review. *Environmental Health Sage Journals* 16, <https://doi.org/10.1177/11786302221107786>.

49. Shi, J.;Wen, Z.; Zhong, G.; Yang, H.;Wang, C.; Huang, B.; Liu, R.; He, X.; Shuai, L.; Sun, Z.; et al.(2020). Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS–coronavirus 2. *Science*, 368, 1016–1020.

50. Mathavarajah, S.; Dellaire, G. (2020). Lions, tigers and kittens too: ACE2 and susceptibility to COVID-19. *Evol. Med. Public Health*, 109–113.

51. Ali Mohammad Pourbagher-Shahri, Gholamreza Mohammadi, Hamed Ghazavi, Fatemeh Forouzanfar (2023). Susceptibility of domestic and companion animals to SARS-CoV-2: a comprehensive review. *Tropical Animal Health and Production*, 55, article number 60 <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03470-1>

52. Abdel-Moneim, A. S., & Abdelwhab, E. M. (2020). Evidence for SARS-CoV-2 infection of animal hosts. *Pathogens*, 9(7), 529. <http://dx.doi.org/10.3390/pathogens9070529>. PMID:32629960.

53. Csiszar, A., Jakab, F., Valencak, T. G., Lanszki, Z., Tóth, G. E., Kemenesi, G., et al. (2020). Companion animals likely do not spread COVID-19 but may get infected

themselves. *GeroScience* 42 (5), 1229–1236. doi: 10.1007/s11357-020-00248-3

54. Smriti Mallapaty (2020). Coronavirus can infect cats—dogs, not so much. *Nature*, 27(5):1362-1370, doi: 10.1038/d41586-020-00984-8

55. Oguzoglu, T. C., Koc, B. T., Akkutay-Yoldar, A. Z. (2021). Triple viral infections in the same cats: Feline coronavirus, feline parvovirus, feline foamy virus. *Rev. MVZ CORDOBA* 26 (3). doi: 10.21897/rmvz.2182

56. Shi J, Wen Z, Zhong G, Yang H, Wang C, Huang B, et al. (2020). Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS-coronavirus 2. *Science*. 368:1016–20. 10.1126/science.abb7015

57. Bosco-Lauth A.M., Hartwig A.E., Porter S.M., Gordy P.W., Nehring M, Byas A.D., et al. (2020). Experimental infection of domestic dogs and cats with SARS-CoV-2: pathogenesis, transmission, and response to reexposure in cats. *Proc Natl Acad Sci USA*. 117:26382–8. 10.1073/pnas.2013102117

58. Sit THC, Brackman C.J., Ip S.M., Tam KWS, Law PYT, To EMW, Yu VYT, et al. (2020). Infection of dogs with SARS-CoV-2. *Nature*. 586:776–8. 10.1038/s41586-020-2334-5

59. Zhai X, Sun J, Yan Z, Zhang J, Zhao J, Zhao Z, et al. (2020). Comparison of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 spike protein binding to ACE2 receptors from human, pets, farm animals, and putative intermediate hosts. *J Virol*. 94:e00831–20. 10.1128/jvi.00831-20

60. OIE. COVID-19 (SARS-COV-2), Hong Kong (SAR - PRC) (2020). Available online:https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&reportid=33546 (accessed on 22 June 2020).

61. AFCD. A Second Dog Positive for COVID-19; AFCD, Ed.; Agriculture, Fisheries and Conservation Department: Hong Kong, (2020). Available online: <https://www.info.gov.hk/gia/general/202003/19/P2020031900606.htm> (accessed on 22 June 2020).

62. Tuhin Dasa, Suranjana Sikdara, Md. Helal Uddin Chowdhuryb, Khandakar Jannatul Nymaa, Md. Adnan (2023). SARS-CoV-2 prevalence in domestic and wildlife animals: A

Моложанова А. В.

genomic and docking based structural comprehensive review. Heliyon 9(2020):e19345

DOI:10.1016/j.heliyon.2023.e19345.

63. Hannah L. Murphy (2021). Understanding the prevalence of SARS-CoV-2 (COVID-19) exposure in companion, captive, wild, and farmed animals. Accepted 18. <https://doi.org/10.1080/21505594.2021.1996519>

64. Dillon S. McBride, Sofya K. Garushyants, John Franks, Andrew F. Magee, Steven H. Overend, Devra Huey, Amanda M. Williams, Seth A. Faith, Ahmed Kandeil, (2023). Accelerated evolution of SARS-CoV-2 in free-ranging white-tailed. 14(1):5105. doi: 10.1038/s41467-023-40706-y.

65. USDA APHIS. Confirmation of COVID-19 in deer in

Ohio. https://www.aphis.usda.gov/aphis/newsroom/stakeholder-info/sa_by_date/sa-2021/sa-08/covid-deer (2021).

66. USDA APHIS. Confirmed cases of SARS-CoV-2 in animals in the United States. <https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/onehealth/one-health-sarscov2-in-animals>.

67. World Organisation for Animal Health. SARS-CoV-2 in Animals - Situation Report (2022). <https://www.woah.org/app/uploads/2023/01/sars-cov-2-situation-report-20.pdf>

68. Damas, J. et al. (2020). Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* **117**, 22311–22322

STUDY OF THE SARS-COV-2 GLOBAL DISTRIBUTION AMONG DIFFERENT ANIMAL SPECIES

A. V. Molozhanova

Abstract. *This article presents the results of an epidemiological analysis of the data of modern, mainly foreign, available information on the occurrence and spread of SARS-CoV-2 among various animal species. We used official data from the State Service of Ukraine on Food Safety and Consumer Protection and official data from the World Animal Health Organization (OIE). An analysis of available information published by foreign and domestic scientists on cases of the disease and positive results of studies for COVID-19 among animals was also carried out. SARS-CoV-2 was the biggest global public health disaster since the 1918 influenza pandemic known as the "Spanish flu", creating an unprecedented threat to all of humanity, causing colossal damage to the global economy. Over the past two decades, coronavirus outbreaks have caused concern around the world, including cases of severe acute respiratory syndrome (SARS) reported in China in 2003. And the outbreak in 2012 with Middle East Respiratory Syndrome (MERS). Coronaviruses such as MERS-CoV and SARS, along with Ebola and influenza, are on the lists of infections with pandemic potential. Coronaviruses cause a wide variety of diseases in animals, and their ability to cause severe illness in livestock such as pigs, cows, chickens, dogs, and cats led to significant research on these viruses in the last half of the twentieth century. A wide range of mammalian species have demonstrated susceptibility through experimental contamination and in vivo through close contact with infected humans and other infected animals. But there have been cases in which people can transmit SARS-CoV-2 to animals, especially during close contact. Such cases of SARS-CoV-2 infection in animals have been documented around the world. Most of these animals became*

Моложанова А. В.

infected after coming into contact with people with COVID-19, including owners, caretakers, or others who were in close contact.

Keywords: COVID 19; CoV; MERS-CoV; Coronavirus